



# Recalage et analyse d'un couple d'images : application aux mammographies

Arnaud Boucher

## ► To cite this version:

Arnaud Boucher. Recalage et analyse d'un couple d'images : application aux mammographies. Ordinateur et société [cs.CY]. Université René Descartes - Paris V, 2013. Français. NNT : 2013PA05S001 . tel-00798271

**HAL Id: tel-00798271**

**<https://theses.hal.science/tel-00798271>**

Submitted on 8 Mar 2013

**HAL** is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

THESE DE DOCTORAT DE  
L'UNIVERSITE PARIS DESCARTES

Spécialité Informatique - Traitement du signal et des images  
Ecole Doctorale EDITE (ED130)

présentée par  
Arnaud BOUCHER

pour obtenir le grade de  
DOCTEUR de l'UNIVERSITE PARIS DESCARTES  
Spécialité Informatique

---

Recalage et analyse d'un couple d'images :  
application aux mammographies

Directeur de thèse : Nicole VINCENT Co-encadrant : Florence CLOPPET

---

Soutenue publiquement le 9 janvier 2013  
devant le jury composé de :

Mme Nicole Vincent	Professeur	Université Paris Descartes (LIPADE)	Directeur de thèse
Mme Florence Cloppet	MCF	Université Paris Descartes (LIPADE)	Co-encadrant
Mme Sylvie Lelandais	Professeur	Université d'Evry (IBISC)	Rapporteur
Mr Yue-Min Zhu	Directeur de recherche	CNRS (Creatis)	Rapporteur
Mme Isabelle Bloch	Professeur	Telecom ParisTech (LTCI)	Examineur
Mme Christine Graffigne	Professeur	Université Paris Descartes (MAP5)	Examineur
Mr Yvon Voisin	Professeur	Université de Bourgogne (Le2i)	Examineur
Mr Atilla Baskurt	Professeur	Insa de Lyon (LIRIS)	Examineur
Mr Jérémy Clech	Docteur	Société DmHis	Invité



Passer de l'opinion à la perception, de l'imagination au fait, de l'illusion à la réalité,  
de ce qui n'est pas à ce qui est, voilà le cheminement.

Swami Prajnanpad



# Remerciements

Merci à Nicole Vincent, Florence Cloppet, Georges Stamon, et tous les membres de l'Université Paris Descartes qui m'ont encadré et épaulé pendant cette thèse, et même avant.

Merci aux collègues de la Société Fenics (en particulier Jérémy Clech et Pierre Jouve), basée à Lyon et spécialisée dans l'élaboration de CAD pour l'analyse de mammographies, qui m'ont fait avancer, et découvrir l'esprit d'une entreprise créative.

Merci à ma famille, pour son aide et son soutien (Maman, Papa et Carole, merci), mes amis (en particulier Charles), pour leur présence et les moments d'évasions.

Merci à Amélie, la femme que j'ai rencontrée un mois avant de débiter cette thèse, et qui m'a soutenu jusqu'à sa finalisation, par ses encouragements et les moments de paradis vécus à deux.



# Résumé

Dans le monde de la recherche, l'analyse du signal et plus particulièrement d'image, est un domaine très actif, de par la variété des applications existantes, avec des problématiques telles que la compression de données, la vidéo-surveillance ou encore l'analyse d'images médicales pour ne prendre que quelques exemples. Le mémoire s'inscrit dans ce dernier domaine particulièrement actif.

Le nombre d'appareils d'acquisition existant ainsi que le nombre de clichés réalisés, entraînent la production d'une masse importante d'informations à traiter par les praticiens. Ces derniers peuvent aujourd'hui être assistés par l'outil informatique.

Dans cette thèse, l'objectif est l'élaboration d'un système d'aide au diagnostic, fondé sur l'analyse conjointe, et donc la comparaison d'images médicales. Notre approche permet de détecter des évolutions, ou des tissus aberrants dans un ensemble donné, plutôt que de tenter de caractériser, avec un très fort *a priori*, le type de tissu cherché.

Cette problématique permet d'appréhender un aspect de l'analyse du dossier médical d'un patient effectuée par les experts qui est l'étude d'un dossier à travers le suivi des évolutions. Cette tâche n'est pas aisée à automatiser. L'œil humain effectue quasi-automatiquement des traitements qu'il faut reproduire.

Avant de comparer des régions présentes sur deux images, il faut déterminer où se situent ces zones dans les clichés. Toute comparaison automatisée de signaux nécessite une phase de recalage, un alignement des composantes présentes sur les clichés afin qu'elles occupent la même position sur les deux images. Cette opération ne permet pas, dans le cadre d'images médicales, d'obtenir un alignement parfait des tissus en tous points, elle ne peut que minimiser les écarts entre tissus. La projection d'une réalité 3D sur une image 2D entraîne des différences liées à l'orientation de la prise de vue, et ne permet pas d'analyser une paire de clichés par une simple différence entre images. Différentes structurations des clichés ainsi que différents champs de déformation sont ici élaborés afin de recalcr les images de manière efficace.

Après avoir minimisé les différences entre les positions sur les clichés, l'analyse de l'évolution des tissus n'est pas menée au niveau des pixels, mais à celui des tissus eux-mêmes, comme le ferait un praticien. Afin de traiter les clichés en suivant cette logique, les images numériques sont réinterprétées, non plus en pixels de différentes luminosités, mais en motifs représentatifs de l'ensemble de l'image, permettant une nouvelle décomposition des clichés, une décomposition parcimonieuse. L'atout d'une telle représentation est qu'elle permet de mettre en lumière un autre aspect du signal, et d'analyser sous un angle nouveau, les informations nécessaires à l'aide au diagnostic.

Cette thèse a été effectuée au sein du laboratoire LIPADE de l'Université Paris Descartes (équipe SIP, spécialisée en analyse d'images) en collaboration avec la Société Fenics (concepteur de stations d'aide au diagnostic pour l'analyse de mammographies) dans le cadre d'un contrat Cifre.





# Abstract

In the scientific world, signal analysis and especially image analysis is a very active area, due to the variety of existing applications, with issues such as file compression, video surveillance or medical image analysis. This last area is particularly active.

The number of existing devices and the number of pictures taken, cause the production of a large amount of information to be processed by practitioners. They can now be assisted by computers.

In this thesis, the problem addressed is the development of a computer diagnostic aided system based on conjoint analysis, and therefore on the comparison of medical images. This approach allows to look for evolutions or aberrant tissues in a given set, rather than attempting to characterize, with a strong a priori, the type of fabric sought.

This problem allows to apprehend an aspect of the analysis of medical file performed by experts which is the study of a case through the comparison of evolutions.

This task is not easy to automate. The human eye performs quasi-automatically treatments that we need to replicate.

Before comparing some region on the two images, we need to determine where this area is located on both pictures. Any automated comparison of signals requires a registration phase, an alignment of components present on the pictures, so that they occupy the same space on the two images. Although the characteristics of the processed images allow the development of a smart registration, the projection of a 3D reality onto a 2D image causes differences due to the orientation of the tissues observed, and will not allow to analyze a pair of shots with a simple difference between images. Different structuring of the pictures and different deformation fields are developed here to efficiently address the registration problem.

After having minimized the differences on the pictures, the analysis of tissues evolution is not performed at pixels level, but the tissues themselves, as will an expert. To process the images in this logic, they will be reinterpreted, not as pixels of different brightness, but as patterns representative of the entire image, enabling a new decomposition of the pictures. The advantage of such a representation is that it allows to highlight another aspect of the signal, and analyze under a new perspective the information necessary to the diagnosis aid.

This thesis has been carried out in the LIPADE laboratory of University Paris Descartes (SIP team, specialized in image analysis) and in collaboration with the Society Fenics (designer of diagnosis aid stations in the analysis of mammograms) under a Cifre convention. The convergence of the research fields of those teams led to the development of this document.



# Table des matières

Chapitre 1 : Introduction .....	page 15
1.1 Le contexte de la thèse .....	page 16
1.2 La méthodologie .....	page 18
1.3 Organisation du document .....	page 22
Chapitre 2 : Etat de l’art .....	page 23
2.1 Image et représentation de l’information .....	page 25
2.1.1 Analyse à l’échelle du pixel .....	page 26
2.1.2 Analyse de contours .....	page 28
2.1.3 Analyse de régions .....	page 30
2.1.4 Conclusion .....	page 32
2.2 Recalage .....	page 34
2.2.1 Définition et terminologie .....	page 34
2.2.2 Paramètres et champ de déformation .....	page 36
2.2.3 Recalage d’images médicales .....	page 43
2.2.4 Conclusion .....	page 49
2.3 Décomposition parcimonieuse appliquée à l’analyse d’image .....	page 50
2.3.1 Définition .....	page 50
2.3.2 Domaine de représentation .....	page 53
2.3.3 Méthode d’élaboration d’un dictionnaire .....	page 58
2.3.4 Conclusion .....	page 60
2.4 Conclusion .....	page 62
Chapitre 3 : Champ de déformation pour tissus mous .....	page 63
3.1 Cadre méthodologique général .....	page 65
3.2 Niveaux de structuration .....	page 67
3.2.1 Relation entre les images .....	page 67

3.2.2 Les primitives .....	page 67
3.2.3 Champs de déformation proposés .....	page 68
3.3 Application aux mammographies .....	page 76
3.3.1 Caractéristiques et relation entre les images .....	page 76
3.3.2 Extraction des primitives .....	page 77
3.3.3 Recalage des mammographies .....	page 81
3.4 Evaluation des méthodes de recalage .....	page 90
3.4.1 L'évaluation du recalage dans la littérature .....	page 90
3.4.2 Evaluation des méthodes élaborées .....	page 92
3.5 Conclusions et observations en vue de l'analyse des images traitées ....	page 97
 Chapitre 4 : Comparaison d'images fondée sur un dictionnaire .....	page 99
4.1 Principe général de la méthode .....	page 102
4.2 Décomposition des mammographies .....	page 106
4.2.1 Modélisation de l'image .....	page 106
4.2.2 Construction du dictionnaire .....	page 108
4.2.3 Ensemble d'apprentissage .....	page 110
4.2.4 Classification .....	page 111
4.2.5 Représentants .....	page 115
4.3 Analyse d'un couple de mammographies par dictionnaire .....	page 117
4.3.1 Analyse globale .....	page 117
4.3.2 Analyse locale .....	page 118
4.4 Méthodologie d'évaluation et validation des paramètres .....	page 122
4.4.1 Base d'images utilisée .....	page 122
4.4.2 Anomalies pour l'évaluation .....	page 122
4.4.3 Modèle d'évaluation .....	page 123
4.4.4 Les paramètres de l'analyse .....	page 125
4.5 Evaluation des méthodes proposées .....	page 132
4.6 Conclusion .....	page 136
 Chapitre 5 : Conclusion .....	page 137
5.1 Synthèse des contributions .....	page 139
5.2 Perspectives .....	page 140

Annexes .....	page 143
Annexe 1 : Evaluation du recalage par repérage expert .....	page 143
Annexe 2 : Evaluation de la détectabilité des anomalies synthétiques respectant la loi de Burgess par la méthodologie présentée .....	page 147
Annexe 3 : Détail de l'évaluation des paramètres de l'analyse conjointe ...	page 149
 Publications .....	 page 151
 Tables des illustrations .....	 page 153
 Bibliographie .....	 page 157



# Chapitre 1

## Introduction

1.1 Le contexte de la thèse .....	page 16
1.2 La méthodologie .....	page 18
1.3 Organisation du document .....	page 22



L'analyse d'images médicales est un domaine très actif de l'analyse d'images numériques par ordinateur. La détection et la caractérisation d'anomalies sont des sous-catégories importantes de ce domaine. La diversité des appareils d'imagerie, la complexité d'interprétation de ces images ainsi que leur multiplicité génèrent une charge de travail importante pour ceux qui doivent les interpréter. Pour traiter cette masse d'informations, les médecins peuvent aujourd'hui utiliser des systèmes d'aide au diagnostic (CAD : Computer Aided Diagnosis). Cette analyse produite automatiquement a pour but de faciliter le diagnostic posé par le praticien, de le rendre le plus objectif et le plus fiable possible en intégrant au mieux les sources d'informations disponibles.

## 1.1 Le contexte de la thèse

Cette thèse a été effectuée dans le cadre d'un contrat Cifre, elle a impliqué conjointement le laboratoire LIPADE de l'Université Paris Descartes et la société Fenics. Cette société a été créée, en 2003, pour développer un service d'aide au diagnostic du cancer du sein destiné aux radiologues et cancérologues. Le passage aux mammographies numériques a permis l'essor de solutions informatisées.

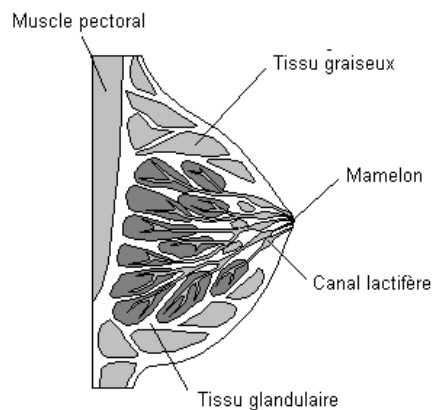
La société Fenics est spécialisée dans le développement de solutions logicielles de pointe destinées au marché de l'interprétation des images médicales, et plus précisément dans le domaine de la mammographie (Système d'Aide au Diagnostic/CAD). La gamme de produits Fenics comprend :

- Une solution pour l'optimisation du flux de dépistage organisé,
- Une console de diagnostic intuitive et de haute performance,
- Une solution innovante pour l'aide au diagnostic (CAD),
- Un réseau d'expertise en mammographie.
- Un système d'informations

Première cause de mortalité chez les femmes de 35 à 70 ans, le cancer du sein touche aujourd'hui en moyenne une femme sur dix en France. Tous les pays riches ont mis en place des programmes de dépistage systématique des cancers du sein chez la femme de 50 à 74 ans (120 millions de femmes concernées, dont 8 millions en France). La détection précoce de ces pathologies conditionne l'efficacité du traitement. La mammographie est, à l'heure actuelle, la technique la plus performante et la plus reproductible pour le diagnostic précoce du cancer du sein. Les campagnes de dépistage du cancer du sein génèrent un nombre important de dossiers à analyser. Cette détection est délicate et fastidieuse pour l'expert humain qui s'appuie sur sa vision et son expérience. L'élaboration d'un système d'aide au diagnostic permettrait de distinguer les zones saines du cliché, des zones présentant une anomalie potentielle, et donc de faciliter le travail de l'expert.

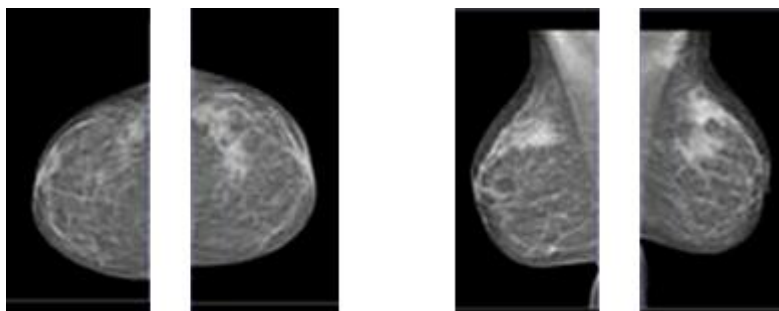
La mammographie est une image radiologique bidimensionnelle. Sur une mammographie, on peut observer le mamelon, le muscle pectoral (pour les incidences

obliques), du tissu fibro-glandulaire, le réseau vasculaire, les canaux lactifères et d'autres tissus internes (cf Fig.1.1).

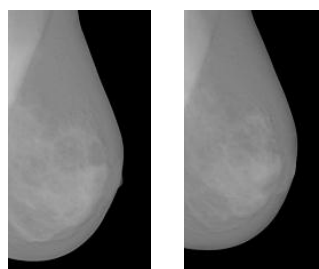


*Figure 1.1 – Coupe d'un sein, vue anatomique*

Un examen mammographique comporte deux ou trois incidences par sein. Une femme va effectuer plusieurs de ces examens dans le courant de sa vie (cf Fig.1.2 et 1.3).

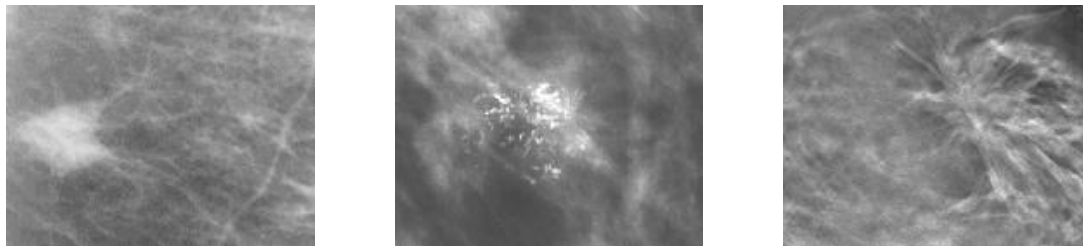


*à gauche, une paire bilatérale en vue craniocaudale (CC),  
à droite une paire bilatérale en vue médiolatérale oblique (MLO)  
Figure 1.2 – Exemple de mammographies d'une patiente X*



*Figure 1.3 – Série temporelle d'une vue médiolatérale oblique du  
sein gauche d'une patiente à  $t_0$  et  $t_0 + 1$  an*

Un tel examen a pour but de détecter l'apparition de certaines structures. Suivant la classification ACR (American College of Radiology), les indicateurs d'une anomalie médicale d'une mammographie sont les microcalcifications qui sont de petits dépôts calcaïques, les opacités régulières ou stellaires (zone plus claire dans l'image due à des tissus plus denses dans cette région), et les distorsions architecturales, c'est-à-dire des zones où les tissus du sein n'apparaissent pas régulièrement répartis (cf Fig. 1.4).

*Opacité**Microcalcifications**Distorsion architecturale*

*Figure 1.4 – Exemples d'anomalies tissulaires dans le cadre d'une mammographie*

Au début de cette thèse, le logiciel DiagnumLook de Fenics permettait l'affichage complet du dossier de mammographies d'une patiente, la segmentation des tissus du sein en zones cohérentes, sans pour autant les caractériser. L'objectif principal est de proposer une détection des zones à risques. Pour arriver à ce résultat, différents types de travaux ont dû être réalisés (détection de primitives anatomiques, structuration des données des images, recalage, comparaison ...). Cette thèse regroupe l'ensemble de ces travaux qui permettent la détection de zones à risques. Ces zones devront ensuite être qualifiées comme anomalies avant d'être classées selon leur dangerosité. Pour cela, deux thèses ont été envisagées dans le cadre de la société Fenics, l'une en traitement d'image et l'autre dans le domaine de la fusion des informations (images et textes contenus dans le dossier patient).

Le travail de recherche présenté dans ce document se trouve du côté du traitement des images avec l'objectif de fournir à la seconde thèse des informations sur les zones potentiellement à risque dans le but de les qualifier.

## 1.2 La méthodologie

Une des règles que nous nous sommes fixés est de ne pas limiter notre réflexion au seul problème des mammographies mais de l'étendre à l'étude de tissus mous dans lesquels peuvent apparaître des zones pathologiques. Les travaux du monde de la recherche sur les problématiques de recalage sont très nombreux. On peut citer comme applications la détection de la formation de tissus anormaux au niveau d'organes "mous" tels que le foie [Son10], les poumons [Mor08], le pancréas, etc.

Trouver une zone suspecte peut être réalisé à partir de la caractérisation des tissus sains et de celle des tissus pathologiques. Le problème peut prendre deux formulations :

- On peut considérer une phase de segmentation de l'image, puis chaque zone est labélisée.
- On peut aussi chercher à extraire des zones ayant des caractéristiques spécifiques dans l'image (cf Fig 1.5). On peut citer des méthodes qui ont été développées pour ce type de détection telle que [Ram12] pour la détection de masses.

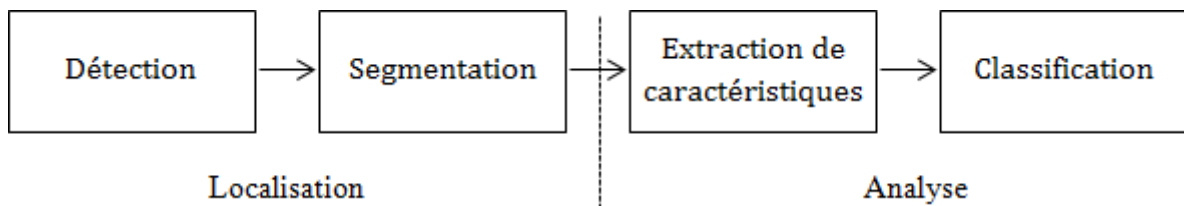
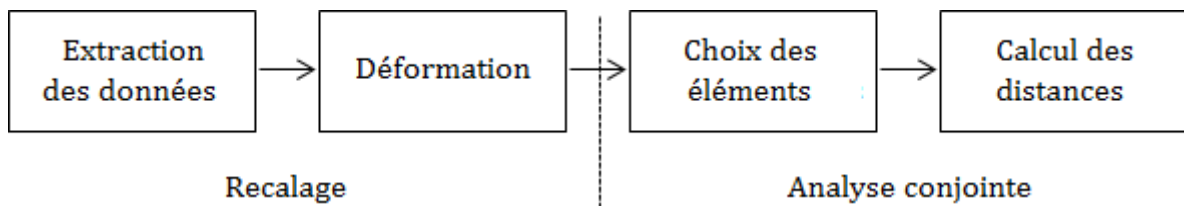


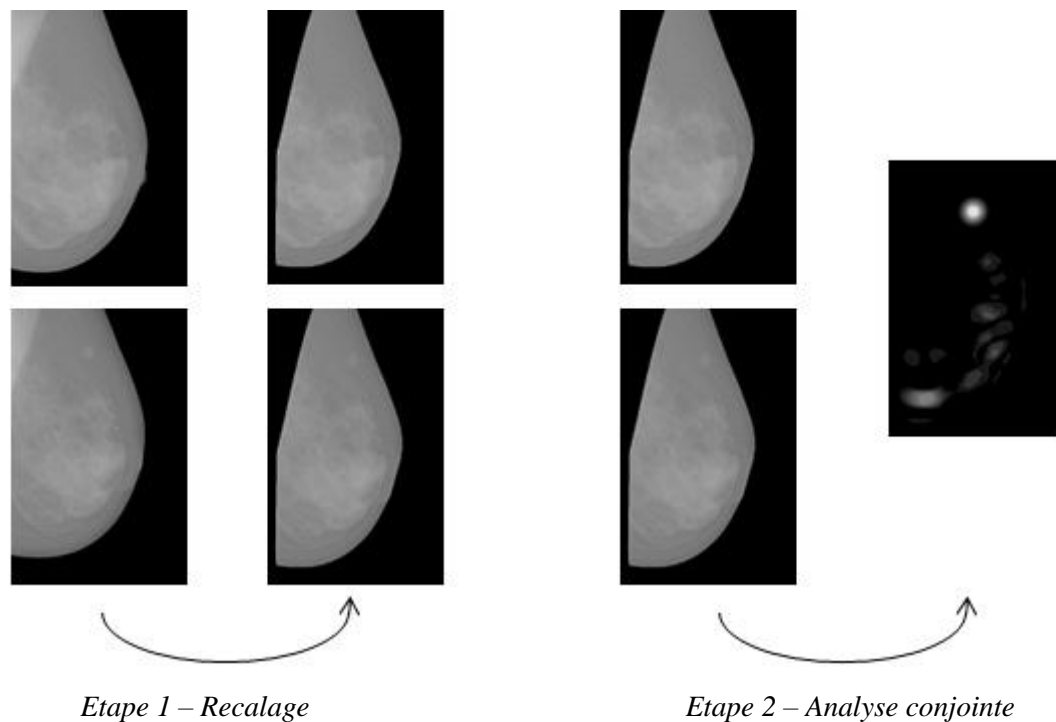
Figure 1.5 – Chaîne générale de la détection d'anomalies

Dans les travaux de recherche présentés dans cette thèse, nous avons décidé d'étudier un autre type d'approche, une approche permettant de tirer profit de la présence du dossier d'un patient qui, bien souvent, contient des images antérieures de la même zone. Le problème devient alors un problème de comparaison de deux images et de recherche des différences. D'où un travail en deux temps. En effet, deux clichés vont obligatoirement présenter de nombreuses différences, même dans le cas monomodal. Pour un couple de clichés donnée, il faut donc analyser les images afin de réaligner ce qui les compose. Une fois que chaque entité formant les tissus observés sur l'image occupe le même espace dans les deux clichés, une analyse conjointe des images par l'outil informatique est rendu possible, comme retranscrit figure 1.6.

L'approche que nous avons choisie dans cette thèse est d'élaborer un cadre méthodologique permettant de recalibrer des images de tissus et permettant la détection de l'évolution tissulaire. L'analyse vise à localiser l'ensemble des anomalies possibles de manière à fonctionner comme un indicateur pour l'utilisateur du CAD, mettant en évidence les zones à risques en éliminant au maximum les tissus sains des zones d'étude pour le spécialiste.



*a – Schéma théorique*



*b- Exemple des mammographies*

*Figure 1.6 – Etapes de la méthodologie élaborée pour l'analyse conjointe d'images médicales*

Plusieurs approches sont possibles pour traiter automatiquement l'information. On peut mettre en œuvre des boîtes noires qui tentent de reproduire le plus fidèlement possible les résultats obtenus par des experts ou bien on peut essayer de reproduire le mode de raisonnement des experts eux-mêmes. Dans cette thèse, les différentes méthodes élaborées s'inspirent du processus humain pour analyser et regrouper les données. Nous avons eu la chance, au sein de la société Fenics, de côtoyer des praticiens et de discuter avec eux de leur mode d'observation des images et de prise de décision. Lorsqu'un praticien examine un patient, il regarde l'ensemble du dossier médical, et ne compare pas une image isolée à un modèle empirique ou un modèle qui aurait été proposé dans la littérature. La nature des évolutions au cours du temps des différentes zones dans un organe, l'ampleur de cette évolution, ainsi que la vitesse d'apparition ou de croissance d'une zone, sont des données

cruciales pour poser un diagnostic. Ces informations ne peuvent donc pas être ignorées dans le traitement automatique d'images médicales.

Par ailleurs, le praticien dispose d'images acquises selon différentes modalités pour un même organe et le suivi des patients génère donc de nombreuses images qui sont contenues dans le dossier de chaque patient. En étudiant conjointement plusieurs images représentant la même partie du corps, issues du même système d'acquisition ou non, l'analyse automatique sera fondée sur un contexte d'interprétation plus riche, s'appuyant sur la comparaison ou la fusion d'informations, et sera donc plus pertinente. Cette thèse a pour objectif de compléter un système CAD complet permettant l'analyse conjointe d'images de mammographies, telle qu'un praticien pourrait la faire, afin de caractériser l'état d'une patiente.

Une telle approche pose de nombreux problèmes. Les évolutions entre deux clichés peuvent être dues au cadrage de l'image, à l'orientation des appareils, à un réglage différent des appareils, alors que les seules différences que l'on souhaite observer sont les évolutions tissulaires du patient. Pour qu'une telle analyse conjointe puisse être rendue automatique, les différents éléments constituant l'image doivent avoir la même position sur les différents clichés. A cette fin, il est nécessaire d'effectuer un recalage des images, c'est à dire d'appliquer différentes transformations à une des images afin de supprimer les différences de luminosité, de cadrages, d'orientation, ou encore les déformations dues à des contraintes mécaniques que l'objet observé aurait pu subir. Ces transformations ne doivent pas masquer les évolutions que l'on souhaite détecter par la suite. Le recalage des tissus mous est un problème complexe, d'autant plus lorsque le résultat doit être produit rapidement comme support d'aide au diagnostic attendue par le praticien.

Après cette étape d'alignement, ou plus précisément, de minimisation des décalages observables entre composantes identiques sur deux images, l'analyse conjointe ne peut se limiter à une simple différence entre images. Les différences dues à l'évolution normale des tissus ou encore venant de la projection d'une réalité 3D sur une image en 2D suivant un angle légèrement différent, entraînent des différences entre les images que le recalage ne supprime pas toujours et qui se mélangent aux différences significatives entre tissus. Une comparaison pixel à pixel est donc peu pertinente. Dans cette thèse, l'analyse conjointe a pour objectif d'analyser une image afin de déterminer s'il y a présence de tissus anormaux sur cette image analysée, et où se situe cette anomalie en fonction des images déjà acquises du même organe. Pour atteindre cet objectif, la représentation des images sera modifiée pour assurer une meilleure focalisation sur les objets d'intérêt. Les images subiront une décomposition mieux adaptée, permettant l'utilisation d'entités génératrices du signal, entités plus significatives que le pixel et son niveau de gris. Cette représentation permet d'obtenir une classification plus significative des éléments constitutifs de l'image.

L'analyse automatique d'un dossier d'images médicales comprend donc deux problématiques principales : le recalage et l'analyse conjointe des clichés.

Nous nous intéressons à l'analyse des tissus mous, c'est-à-dire tous les tissus ou ensemble de tissus humains excepté les os. L'évolution naturelle des tissus et les contraintes

mécaniques (position du corps, respiration...) qu'ils subissent durant la capture de l'image entraînent des évolutions et des déformations de leur aspect. Dans le cadre d'images médicales, la finalité de nos travaux n'est pas de rendre les images identiques après recalage, mais d'étudier les différences significatives qui subsisteront et permettront la localisation ou le suivi d'une anomalie. Il faut pouvoir différencier les changements de forme, liés à la nature des tissus ou au système d'acquisition, et les changements de forme pouvant être liés à des évolutions fondamentales dans le tissu.

## 1.3 Organisation du document

Nous présentons dans le second chapitre de cette thèse une analyse bibliographique permettant d'appréhender les différents axes de réflexion ayant permis l'élaboration de la méthodologie présentée. Après avoir rappelé les principes généraux de l'analyse et de la représentation d'un signal, et plus particulièrement d'une image, nous traiterons du recalage des images, des différentes méthodologies existantes en mettant en évidence leurs atouts et leurs limites par rapport à notre cadre applicatif. La dernière section de ce chapitre est consacrée à la décomposition parcimonieuse du signal, permettant sa réinterprétation grâce à une nouvelle représentation.

Dans le chapitre 3, nous analysons les spécificités liées au problème du recalage des tissus mous et nous présentons la méthodologie que nous avons conçue permettant de distinguer entre les déformations simplement liées aux images et celles liées au patient et que l'on veut observer. Dans une seconde partie nous montrons comment cette méthodologie peut être appliquée au cas spécifique des mammographies, les méthodes ainsi élaborées sont appliquées et évaluées afin d'envisager l'intégration d'une telle approche dans le CAD.

Le chapitre suivant traite de l'analyse d'un couple d'images à l'aide d'une décomposition parcimonieuse du signal. Après avoir défini le cadre méthodologique d'une décomposition parcimonieuse, nous présentons les différentes méthodes mises au point, utilisant les atouts d'une telle représentation. Une étude est menée montrant l'impact des paramètres de ces approches. Le choix de l'ensemble de référence, les caractéristiques des nouvelles entités permettant de reconstituer les images, la mesure de similarité permettant de délimiter les ensembles d'entités constitutives, sont des paramètres cruciaux pour la mise en évidence de zones de l'image représentant des tissus ayant fortement évolué. Là encore nous appliquons la méthode sur des couples d'images temporelles de mammographies recalées, nous fixerons les paramètres en fonction des caractéristiques du recalage.

Le dernier chapitre regroupe les conclusions et analyses découlant de ce travail, l'apport des méthodes, et du processus global effectué sur les dossiers traités. Les perspectives découlant de l'ensemble des recherches effectuées durant cette thèse concluent ce document.

## Chapitre 2

# Etat de l'art

2.1	Image et représentation de l'information .....	page 25
2.1.1	Analyse à l'échelle du pixel .....	page 26
2.1.2	Analyse de contours .....	page 28
2.1.3	Analyse de régions .....	page 30
2.1.4	Conclusion .....	page 32
2.2	Recalage .....	page 34
2.2.1	Définition et terminologie .....	page 34
2.2.2	Paramètres et champ de déformation .....	page 36
2.2.3	Recalage d'images médicales .....	page 43
2.2.4	Conclusion .....	page 49
2.3	Décomposition parcimonieuse appliquée à l'analyse d'image .....	page 50
2.3.1	Définition .....	page 50
2.3.2	Domaine de représentation .....	page 53
2.3.3	Méthode d'élaboration d'un dictionnaire .....	page 58
2.3.4	Conclusion .....	page 60
2.4	Conclusion .....	page 62



Ce chapitre regroupe les points importants de la littérature concernant trois axes de recherche : les échelles d'observation utilisées en analyse d'images, les problématiques de recalage d'images et leurs analyses par décomposition parcimonieuse.

La première section traitera des échelles d'analyse possible. On entend ici par échelle, le choix et la taille des éléments que l'on étudie. En effet, tout traitement d'image peut être fondé sur une analyse de pixels ordonnés ou non, d'un ensemble de pixels formant par exemple une droite ou une courbe, ou même une surface. Ce choix permet la sélection éclairée des primitives significatives relativement à un problème donné, dans notre cas deux études différentes sont envisagées, le recalage et l'analyse conjointe d'images médicales, l'application concernant plus particulièrement les images de mammographies.

La deuxième section abordera donc le problème du recalage. Après une présentation générale des méthodes de la littérature, nous soulèverons les problématiques existantes et les axes de recherche qui en découlent. Nous discuterons ensuite des limites de ces méthodes dans le cadre applicatif traité dans ce document : l'analyse d'images médicales, et plus particulièrement les images de tissus mous.

La troisième partie traite de l'analyse par décomposition parcimonieuse d'un signal. Après une présentation générale du principe de la décomposition parcimonieuse, et un rappel des méthodes explorées dans la littérature, nous ferons un point sur l'utilisation de la parcimonie dans le monde de l'imagerie médicale.

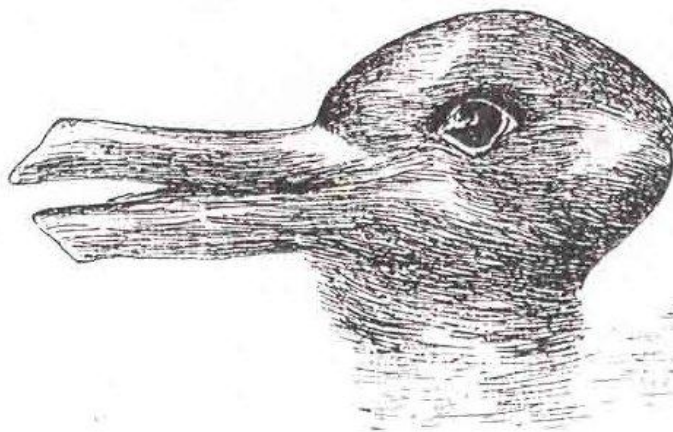
L'objectif de cet état de l'art est de positionner les recherches présentées dans cette thèse, mais également d'élaborer un cadre méthodologique adapté à notre problématique et à la réalité pratique de notre cadre applicatif.

## 2.1 Image et représentation de l'information

En informatique, une image est un signal numérique 2D. Une image peut être interprétée comme une matrice 2D de valeurs lumineuses ou de couleur. Une telle interprétation permet de représenter une image de différentes manières. En effet, les images peuvent être vues comme un ensemble de pixels, caractérisés par leur intensité lumineuse variable, représentant une scène concrète ou abstraite. Elles peuvent être modélisées comme une fonction  $f$  dont les valeurs  $f(x,y)$  varient selon les coordonnées spatiales. Une image est également un signal 2D, ou encore un ensemble de textures ou motifs agencés d'une manière spécifique permettant de décrire la scène. Ces différents points de vue sont autant de bases de représentation. Elles vont mettre en avant différents types d'informations qui conduisent à différents types d'analyse des images numériques.

Les méthodes d'analyse ou de comparaison d'images ont une base commune : la caractérisation des images que l'on veut étudier, que cette caractérisation soit globale ou locale. Cette caractérisation passe par une analyse à l'échelle des pixels (histogrammes, matrices de cooccurrence), des formes (attributs géométriques) ou encore des régions (motifs, textures). A travers la présentation des propriétés de ces différentes échelles d'analyse, nous justifierons les choix effectués pour l'analyse et la comparaison d'images médicales, qui dans notre cadre applicatif sont des mammographies. Ce choix est naturellement guidé par la nature des images, mais également par la nature du résultat recherché.

Notons qu'aucune méthode de classification ou de comparaison n'est infaillible. Même le cerveau humain peut avoir du mal à trancher entre deux classes quand il observe certaines représentations de la réalité comme sur l'image 2.1.



*Figure 2.1 – Duck-Rabbit*  
*publié en 1892 dans un journal satirique munichois Fliegende Blätter (auteur inconnu)*

### 2.1.1 Analyse à l'échelle du pixel

Une image  $I$  est un ensemble  $A$  de pixels. Une possibilité pour caractériser  $I$  est de considérer les éléments de  $A$  sans prendre en compte une notion d'ordre ou d'agencement. Des notions statistiques telles que la moyenne, la variance, l'écart type ou la covariance sont des outils basiques très utilisés. De ces notions découle tout un ensemble d'outils. Le critère de Woods [Woo92], le rapport de corrélation [Roc98] ou l'information mutuelle (pour ne citer que les plus connues) sont des outils de mesures fondés sur le dénombrement et les proportions de pixels de différentes intensités lumineuses.

En premier lieu, une image peut être caractérisée par l'histogramme des niveaux de gris. L'histogramme représente le nombre d'occurrences de chaque nuance de gris (ou de l'intensité de chaque couleur primaire de l'image). Dans l'histogramme, toute information sur la distribution spatiale des pixels est perdue. Néanmoins, l'histogramme peut être utilisé efficacement pour la segmentation de certaines images, comme le montre l'exemple de la figure 2.2.

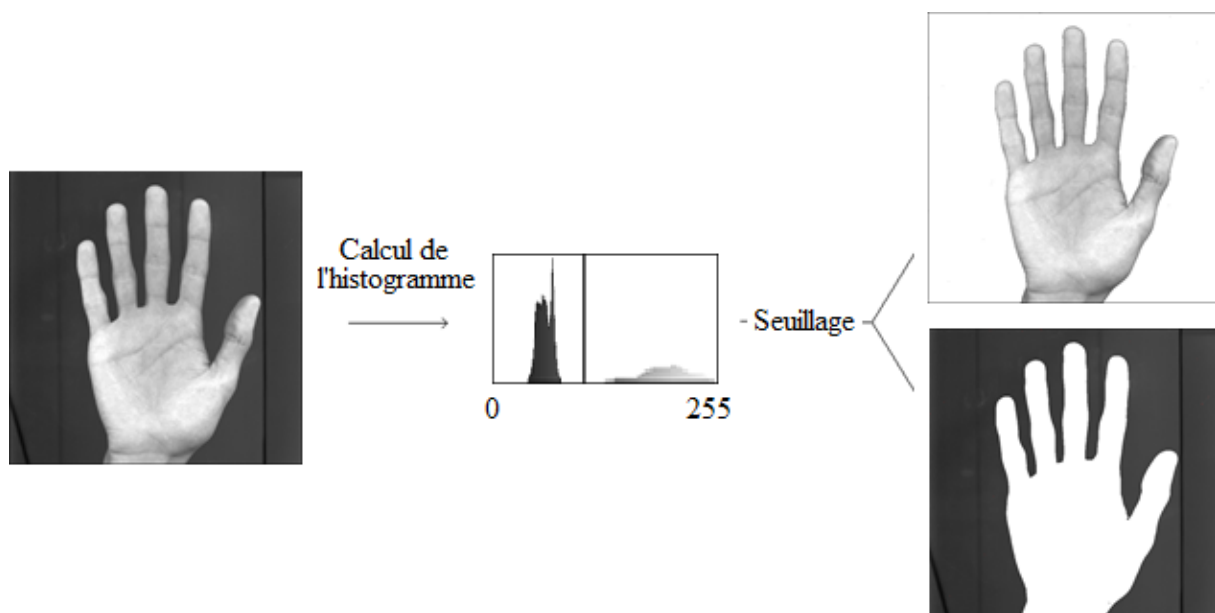


Figure 2.2 – Segmentation d'un objet basé sur le calcul de l'histogramme des niveaux de gris

Ces attributs ne donnent pas d'informations sur l'emplacement ou l'organisation des différentes couleurs. De plus, deux images très différentes peuvent avoir le même histogramme (cf Fig 2.3), où deux ensembles différents (objet et fond de l'image par exemple) peuvent avoir globalement la même luminosité sur une image.

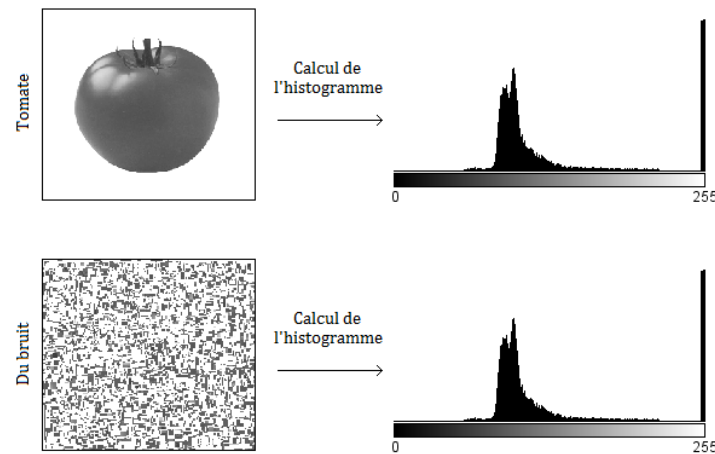


Figure 2.3 – Deux images ayant le même histogramme des niveaux de gris

Le défaut des méthodes reposant sur l'histogramme est la pauvreté des informations que l'on peut extraire à cette échelle, une image étant bien plus qu'un "sac" de pixels sans organisation spécifique. Certains outils prennent en compte différentes formes de relations entre pixels (intensité ou position) comme les matrices de cooccurrence par exemple introduites par Haralick [Har73]. Une matrice de cooccurrence mesure la probabilité d'apparition des paires de valeurs de pixels situés à une certaine distance l'un de l'autre dans l'image.

Soit  $I$  une image codée sur  $m$  niveaux de gris. Soit  $s = (x, y)$  la position d'un pixel de  $I$ , et  $t = (\Delta x, \Delta y)$  un vecteur. La matrice de cooccurrence  $M_t$  est une matrice  $m \times m$  dont l'élément  $(i, j)$  indique le nombre de paires de pixels séparés par  $t$  et qui ont pour valeur de niveaux de gris  $i$  et  $j$  respectivement.

$$M_t(i, j) = \text{card} \{ (s, s + t) \in (R^2)^2 \mid I[s] = i, I[s + t] = j \} \quad (2.1)$$

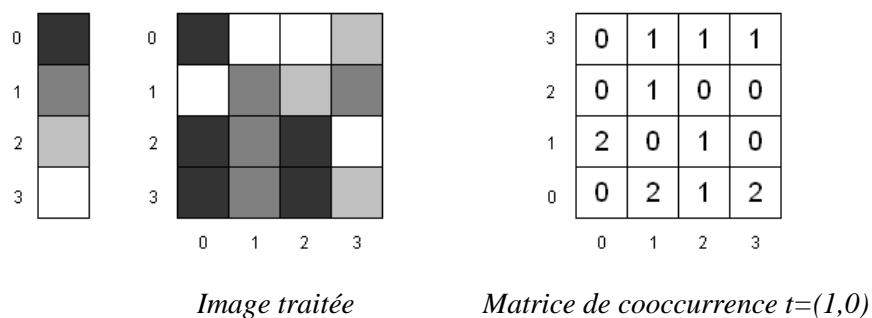


Figure 2.4 – Exemple d'une matrice de cooccurrence

Haralick a généralement choisi pour vecteurs de translation, des vecteurs de norme unité dans toutes les directions. Il prend ainsi en compte les translations d'un pixel vers l'un de ses huit plus proches voisins. Les huit matrices de cooccurrence obtenues sont alors normalisées par le nombre total de paires de pixels considérées, puis sommées pour obtenir une matrice  $M$ . Elle permet d'estimer des propriétés des images relatives à des statistiques de second ordre. Les paramètres étudiés sur une telle matrice sont les paramètres de base (contraste, homogénéité...). Mais il a été prouvé [Con80] que ces paramètres sont très corrélés entre eux et que l'utilisation de seulement cinq d'entre eux suffit à donner de bons résultats de classification : homogénéité, contraste, corrélation, entropie et homogénéité locale.

Ces méthodes caractérisent une image à partir de sa constitution ou de l'organisation des éléments constitutifs qui la composent. Ce type d'analyse permet de caractériser une image globalement ou localement. Pour qu'une méthode de classification puisse être élaborée à partir de ces méthodes, les variations intra-classe doivent être faibles. Dans un cadre applicatif comme l'imagerie médicale où on essaie d'extraire des zones (organes, tissus texturés) particulières, les variations inter-patients sont telles, qu'il n'est pas souvent possible de sélectionner des seuils pour les différents paramètres calculés permettant de classer chaque type de tissu de manière universelle. Des informations de plus haut niveau doivent être introduites.

## 2.1.2 Analyse de contours

L'analyse de formes est la description d'une image par la recherche des différentes régions qui la composent, ou par la forme du contour de ces dernières. Cette analyse passe par une phase de délimitation des objets, appelée segmentation. On distingue les approches contours et les approches régions.

La segmentation par frontières est basée sur le fait qu'il existe une transition observable entre les différents objets (cf Fig 2.5).



*Une image*



*Détection des contours  
(Sobel)*

*Figure 2.5 – Détection de contours*

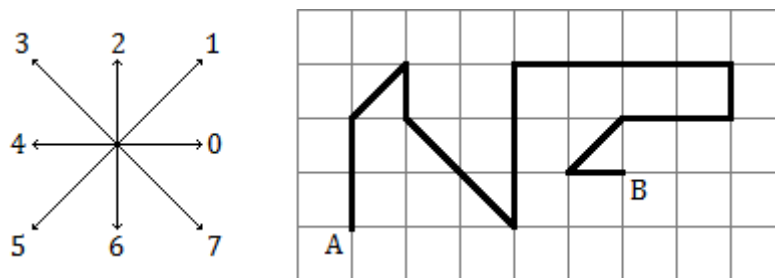
Une fois le contour extrait, l'étude de la zone peut se baser sur l'aire de l'intérieur du contour, le périmètre, l'enveloppe convexe, l'allongement, la concavité, ou encore d'autres outils, comme la représentation par moments géométriques :

$$M_{m,n} = \iint_S x^m y^n f(x,y) dx dy \quad (2.2)$$

L'expression est ici donnée dans un domaine continu et l'intégration se fait sur l'ensemble de la surface  $S$  intérieure au contour étudié.

Le moment d'ordre 0 donne l'aire de l'objet, les moments d'ordre 1 caractérisent son centre de gravité et ceux d'ordre 2 les paramètres de l'ellipsoïde d'inertie.

Une transformation peut également être appliquée sur le contour extrait. Celui-ci sera alors caractérisé par un vecteur de coefficients qu'il suffira par exemple de comparer à une liste de vecteurs modèles. Le contour peut ainsi être transformé à l'aide du codage de Freeman en chaînes de Freeman. Ce type de codage permet d'obtenir une description en une dimension plus robuste car invariante aux transformations simples subies par l'objet étudié (cf Fig 2.6).



Codage du chemin de A à B : 2 2 1 6 7 7 2 2 2 0 0 0 0 6 4 4 5 0

Figure 2.6 – Codage de Freeman, invariant par translation

D'autres méthodes de codage sont très répandues comme les signatures de contour. Une forme est par exemple caractérisée par une fonction qui indique la distance entre chaque point du contour, indicé par son ordre sur le contour, et le centre de gravité de la forme.

Enfin, nous pouvons citer le descripteur de Fourier. Il caractérise un contour fermé de contour  $P$  à partir de  $N$  points du contour équi-répartis. Leurs positions en  $x$  et  $y$  génèrent deux courbes  $x(n)$ ,  $y(n)$  que l'on peut aussi combiner :  $c(n) = x(n) + i y(n)$ . On appelle alors descripteurs de Fourier, les coefficients de la transformée de Fourier discrète  $C$  de  $c$  :

La fonction  $c$  peut être décomposée en série de Fourier (si le contour est un contour fermé) :

$$C(v) = \frac{1}{N} \sum_{n=1}^N c(n) e^{-i2\pi v n / N} \quad (2.3)$$

où  $v \in [-N/2 + 1 ; N/2]$

Ce descripteur permet de mettre en avant différentes propriétés du contour :

- $C(0)$  est le centre de gravité,
- Si  $C(0) = 0$ , la description est invariante par translation,
- Si pour tout  $v \neq 1$ ,  $C(v) = 0$ , la forme est un cercle de rayon  $C(1)$ ,
- La normalisation par  $|C(1)|$  rend la forme invariante par homothétie,
- Les valeurs  $v > 0$  indiquent une déformation vers l'extérieur du contour,
- Les valeurs  $v < 0$  indiquent une déformation vers l'intérieur du contour,
- ...

De nombreux outils permettent de caractériser un contour et d'effectuer des comparaisons, que ce soit pour identifier un objet inconnu ou comparer deux objets. Les caractéristiques des images utilisées dans notre cadre applicatif (des mammographies) ainsi que les caractéristiques de l'ensemble recherché (tissu anormal dans le sein) mais aussi plus généralement les caractéristiques de formes pas assez contrastées pour permettre l'extraction d'un contour, ne nous permettent pas l'utilisation de l'analyse des formes. En effet, on ne peut analyser la forme d'un objet qui n'est pas encore segmenté. De plus si certains objets, tel un papillon au repos ou une feuille d'arbre sans vent, peuvent être très bien caractérisés par leurs contours, ce n'est pas toujours le cas pour la projection en 2D d'une anomalie tissulaire dont la frontière reste incertaine.

Bien qu'il soit possible de poser un diagnostic à partir du contour d'une zone, l'élaboration du diagnostic repose sur un ensemble d'informations plus riche en incluant des informations concernant la caractérisation des tissus, tissus qui se distinguent par des variations lumineuses propres. L'organisation des niveaux de gris et les structures que cela représente sur le cliché doivent être incluses dans l'étude.

### 2.1.3 Analyse de régions

Dans ce paragraphe, nous envisageons des analyses utilisant un sous-ensemble de l'image. Ce sous-ensemble n'est pas un "sac" d'intensités sans ordre, mais représente une surface organisée de variations lumineuses. L'analyse d'une image peut s'effectuer globalement, mais également région par région. Pour une telle analyse on trouve dans la littérature différentes méthodologies.

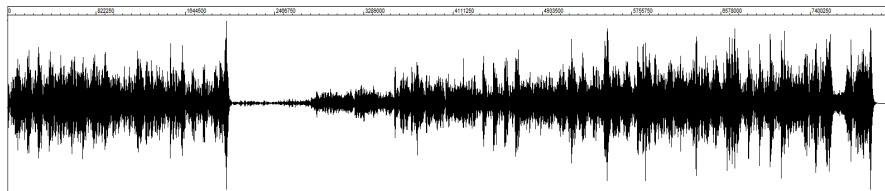
L'analyse de régions peut reposer sur les mêmes principes que l'analyse de l'image à l'échelle du pixel. Dans ce cas, l'analyse est effectuée localement. Soit  $A$ , l'ensemble des pixels d'une image  $I$ , une région est un sous-ensemble de pixels connexes de l'ensemble  $A$ . Elle peut être carrée, circulaire, ou de toute autre forme pour une étude locale régulière. Les formes régulières vont permettre de générer un vecteur de descripteurs locaux, une forme plus complexe pré-segmentée permet d'analyser un ensemble cohérent, comme par exemple une zone texturée. Les différentes régions constituant l'image peuvent être regroupées durant une phase de classification. Les résultats locaux ainsi récupérés permettent d'obtenir une « carte » de la composition de l'image et donc de définir au mieux les sous-ensembles constitutifs de

l'image. On peut citer des méthodes comme la croissance de régions ou la méthode par division et fusion.

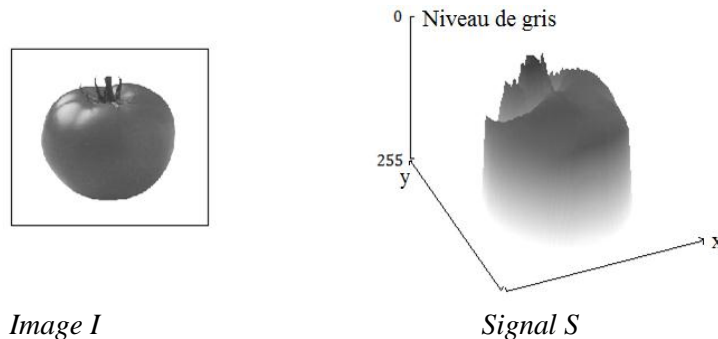
D'autres méthodes plus complexes existent et intègrent davantage l'organisation des variations lumineuses, comme les transformées ou les champs de Markov ou l'analyse fondée sur l'étude de motifs dans l'image.

## Analyse temps fréquence

Une image, tout comme un son, peut être analysée comme un signal  $S$  dont les valeurs prises évoluent (au cours du temps pour le son, ou suivant la position dans une image). Un son est un signal 1D (Fig. 2.7a), une image un signal 2D (Fig. 2.7b).



*a – Signal audio [John Williams – Imperial March]*



*b – Représentation d'une image sous forme de signal*

*Figure 2.7 - Représentation d'un signal*

Nous nous intéressons plus particulièrement aux images. Le signal 2D étudié (image en noir et blanc, un pixel est caractérisé par 8 bits) peut être représenté comme une fonction  $f$  telle que :

$$\begin{aligned} f: \quad N \times N &\rightarrow [0,255] \\ (x,y) &\rightarrow f(x,y) \end{aligned} \quad (2.4)$$

où  $x$  et  $y$  donnent les coordonnées d'un pixel de l'image,  $f(x,y)$  représente l'intensité lumineuse en ce point.



Avec ce type de représentation, les analyses effectuées sont celles du domaine de l'analyse du signal. Elles sont basées sur la décomposition de l'intensité du signal. Les analyses fréquentielles telles que la transformée de Fourier ou les transformées en ondelettes sont très répandues. Ces transformées, très utilisées dans la décomposition de signal pour obtenir une représentation parcimonieuse, sont détaillées dans la section qui est consacrée à ce type d'analyse (paragraphe 2.3).

## Motifs et textures

L'objectif de l'analyse à l'échelle d'un motif ou d'un élément de texture est de prendre en compte l'organisation des variations spatiales dans l'image en plus de l'intensité lumineuse.

Dans ce document, nous définissons un motif comme un ensemble de pixels connexes de forme fixe (carré, disque, ...). Pour ce qui est des textures, il n'existe pas de définition mathématique reconnue par tous. Une texture implique l'idée d'homogénéité et de répétitivité dans l'image afin de former la surface ou la structure interne de « l'objet » (au sens large) observée sur l'image. Maitre l'a définie comme suit [Mai03] :

*« Une texture est un champ de l'image qui apparaît comme un domaine cohérent et homogène, c'est-à-dire formant un tout pour un observateur. »*

Nous utiliserons comme définition de texture celle de Haralick [Har79] :

*« Une texture est décrite par un ensemble de base de primitives (ou motifs) ainsi que par leur organisation spatiale. »*

La caractérisation locale de tous les motifs constituant une image peut donc permettre de délimiter les différents ensembles cohérents, ou textures, d'une image, et ainsi localiser et délimiter les différents constituants d'une image. Une base de motifs peut décrire un type de texture quand on associe à ces motifs des règles d'agencement. Différentes bases peuvent permettre d'effectuer une classification et même une segmentation des différents phénomènes. Une telle base est appelée un dictionnaire. Un exemple de décomposition du signal dans une nouvelle base permettant la séparation d'images est illustré dans [Pey07].

### 2.1.4 Conclusion

De ce paragraphe, il ressort que l'échelle et le type de primitives extraites ou analysées sont des choix cruciaux. Certaines images ou certaines applications ont des particularités qui doivent guider nos choix. Dans le cadre applicatif de l'imagerie médicale et plus spécifiquement des tissus mous, en particulier l'analyse conjointe de mammographies, le choix des primitives à rechercher pour effectuer le recalage des images tout comme l'échelle d'analyse choisie pour le traitement conjoint est un point crucial. Ce ne sont pas

nécessairement les mêmes primitives qui sont adaptées à la résolution de ces deux problèmes. Les paragraphes suivants de ce chapitre rappellent les différentes orientations permettant de traiter ces problématiques. L'analyse des travaux antérieurs et des spécificités des images que nous traitons, nous permettront de faire un choix éclairé pour le traitement des différentes étapes de nos recherches.

## 2.2 Recalage

Soit un couple d'images (I,J) représentant le même objet pris sous des angles différents et/ou à des moments différents et/ou avec des appareils différents. Le recalage est un traitement numérique qui consiste à "transformer" l'image J pour superposer chaque structure qui la compose avec celles de l'image I. Par "transformer" on entend différents traitements visant à supprimer les différences de luminosité, de cadrage, d'orientation, ou encore les déformations dues à des contraintes mécaniques que l'objet observé aurait pu subir. La superposition fait correspondre les entités communes présentes sur les deux clichés. Cette opération offre de multiples possibilités telles que la comparaison automatique de deux images ou encore la création d'une mosaïque formée de plusieurs images contiguës pour constituer un panorama.

Dans le cadre de l'imagerie médicale, l'outil informatique permet une aide au diagnostic fondée sur l'analyse d'une ou plusieurs images. Pour qu'une telle analyse conjointe puisse être rendue automatique et repose sur des mesures quantitatives, les différents éléments constituant l'image doivent avoir la même position sur les différents clichés. A cette fin, il est souvent nécessaire d'effectuer un recalage des images.

La diversité des domaines d'application possibles, et la variété des déformations, font du recalage un problème très ouvert dans le domaine de la recherche et donc étudié sous différents points de vue. Nous nous intéresserons au recalage des tissus mous. Le recalage des tissus mous est un problème complexe, d'autant plus lorsque le traitement doit produire rapidement l'aide au diagnostic attendue par le praticien. Ces différents aspects sont pris en compte dans l'orientation critique de l'état de l'art que nous présentons ici.

Après avoir précisé la définition de l'opération de recalage, nous aborderons dans ce chapitre les différentes voies explorées dans le cadre du recalage en général puis du recalage d'images médicales en particulier, afin de positionner nos travaux et de mettre en lumière les possibilités et les limites de ce type de traitement. Les méthodes existantes étant presque aussi nombreuses que les applications imaginables, nous mettrons en avant les différentes catégories de méthodes, leurs spécificités, afin de déterminer un cadre méthodologique précis et adapté pour le développement de notre approche.

### 2.2.1 Définition et terminologie

Dans l'état de l'art dressé par Lisa Brown [Bro92], la problématique et la définition du recalage d'images sont les suivantes :

*“ The registration problem is the task involved in finding the optimal spatial and intensity transformations so that the images are matched with regard to the misregistration source.*

*The intensity transformation is frequently not necessary, except, for example, in cases where there is a change in sensor type or where a simple look up table determined by sensor calibration techniques is sufficient. ”*

*“ Image registration can be defined as a mapping between two images both spatially and with respect to intensity. If we define these images as two 2-dimensional arrays of a given size denoted by I and J where  $I(x,y)$  and  $J(x, y)$  each map to their respective intensity values, then the mapping between images can be expressed as:*

$$J(x,y) = g( I( f(x,y) ) ) \quad (2.5)$$

*where  $f$  is a 2D spatial coordinate transformation, (...) and  $g$  is a 1D intensity transformation.”*

L'image I, utilisée comme modèle, est appelée image de référence. L'image J qui va subir la déformation est ici appelée l'image traitée (cf. Fig. 2.8).

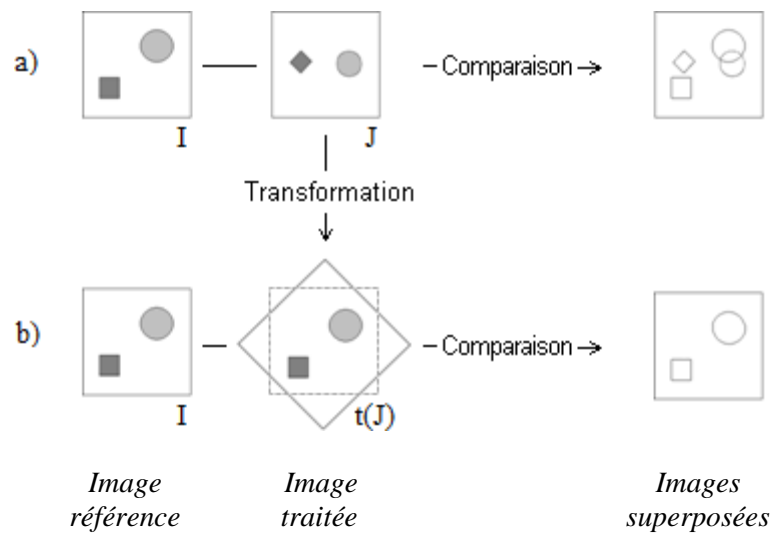


Figure 2.8 – Comparaison d'images avant (a) et après recalage (b)

Recaler revient donc à estimer une transformation optimale  $t_0$  permettant, à partir de l'image référence I, d'appliquer une transformation (spatiale et/ou intensité lumineuse) à l'image traitée J afin que les éléments qui composent ces images aient les mêmes coordonnées. Ces transformations sont généralement choisies parmi un ensemble restreint de transformations  $T$ . La problématique a été formulée mathématiquement dans [Bro92]. La fonction  $S$  représente une mesure de similarité entre deux images, et  $argmax$  correspond à la stratégie adoptée pour la résolution.

$$t_0 = argmax_{t \in T} S( I, t(J) ) \quad (2.6)$$

Cette formulation met en évidence les axes à étudier lorsque l'on veut concevoir une méthodologie pour le recalage. Les images  $I$  et  $J$ , leur nature, leurs points communs et leurs différences conditionnent les différents éléments de cette formule. Le recalage sera donc fortement dépendant de la relation existant entre les images  $I$  et  $J$ . La mesure de similarité  $S$  est également centrale. Une mesure de similarité permet une comparaison, mais encore faut-il définir ce qui doit être comparé dans les images. Les autres paramètres de cette formule sont  $t$  et  $T$ .

On peut déjà remarquer que l'ensemble des paramètres sont dépendants les uns des autres. Le choix de l'ensemble des transformations possibles  $T$ , tout comme la mesure de similarité  $S$ , va dépendre de la relation entre  $I$  et  $J$ , et des *a priori* intégrés au processus. Ces paramètres entraînent une grande variété de traitements, allant de paire avec une très grande variété d'images pouvant être traitées par un tel processus.

Dans les sections suivantes, nous présentons un état de l'art sur les méthodes de recalage en axant la réflexion sur ces questions. Nous considérerons d'abord le cas général, puis plus spécifiquement le cas du recalage de tissus mous dans des images médicales.

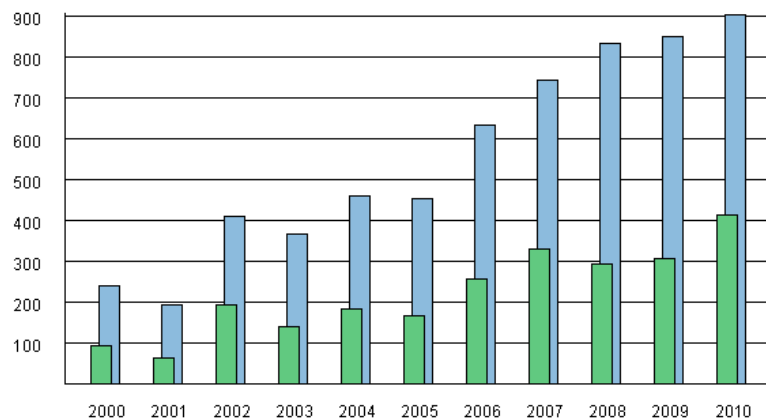
## 2.2.2 Paramètres et champ de déformation

La diversité des images à recaler, la variabilité des déformations pouvant relier deux images, ainsi que le bruit présent sur les images, font qu'il est impossible de concevoir une méthode de recalage universelle. Chaque méthode doit prendre en compte le type de déformation présumé ainsi que le bruit présent et enfin la précision nécessaire à la comparaison des images ou à l'application qui en sera faite.

Les domaines applicatifs pouvant profiter des avantages d'une étape de recalage, dans le but d'effectuer une analyse conjointe d'images de manière automatisée, sont très nombreux. On rencontre des applications dans le cadre du suivi d'objet [Hei99], utile pour la surveillance vidéo [Kim05] par exemple ; ou dans la reconstitution de panorama par mosaïques d'images [Gos05], technique utilisée pour agencer des photos satellite ; et également dans l'élaboration de systèmes d'aide au diagnostic en imagerie médicale [Mod04]. L'ouvrage [Gos05] regroupe les avancées du recalage pour diverses applications, que ce soit en 2D ou en 3D.

Le nombre croissant de publications sur ces problématiques, depuis plus de 10 ans, témoigne de l'utilité et l'intérêt portés à ces méthodes (cf Fig. 2.9).

Bien que les applications soient très variées, les solutions de recalage élaborées reposent sur une procédure commune (cf Fig. 2.10). Ce modèle est ensuite adapté au cadre applicatif en jouant sur certains paramètres.



*Figure 2.9 – Dénombrement des publications parues chaque année et répondant aux critères de recherche « image and registration and years » en bleu et « medical and image and registration and years » en vert dans IEEE Xplore et ScienceDirect*

Dans les états de l'art de référence dressés à ce jour [Bro92, Wes97, Mai98, Yuj05], les méthodes sont classifiées selon différents critères :

- la dimension (1D, 2D, 3D et dimension temporelle),
- la modalité des images (monomodales, multimodales),
- l'objet recalé (tissu vivant sur une image médicale, bâtiments sur une image satellite...),
- la relation existant entre les objets (inter-sujets, intra-sujet, atlas),
- les primitives permettant d'évaluer la transformation nécessaire (extrinsèques, intrinsèques),
- le niveau d'automatisation (automatique, semi-automatique ou manuel),
- le type de déformation (rigides, non-rigides),
- l'échelle des déformations (locales, globales, multiples),
- la procédure d'optimisation (méthode permettant de converger vers le meilleur résultat).

Comme il a été précisé dans la définition du recalage, certains critères sont inter-indépendants. Les primitives choisies vont par exemple dépendre de la dimension et de la modalité des images ; le type de déformation dépend du type d'objet recalé, etc. Les relations de dépendances naturelles qui existent entre ces critères ont débouché sur l'élaboration de méthodes spécifiques à certaines combinaisons de critères. Ce document se fonde sur ces dépendances, partant du cadre général du recalage (cf Fig.2.10) pour ensuite mettre au jour les critères les plus déterminants pour le choix d'un type de méthode de résolution du problème du recalage.

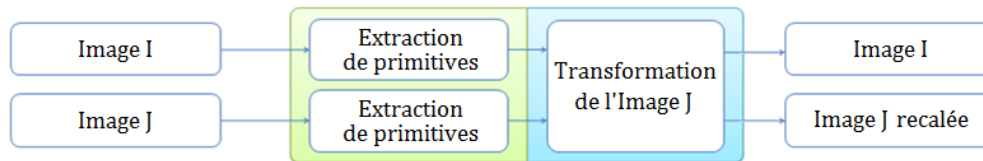


Figure 2.10 – Procédure de recalage

Dans cet état de l’art, nous allons regrouper les différents critères en fonction des réponses apportées à certaines questions :

- Quelles sont les caractéristiques des images I et J, et quel est leur lien ? (dimension, modalité, type d’objet ...)
- Quelles primitives extraire ? (points particuliers, ensemble de pixels ...)
- Quelle transformation ? (type et échelle de transformation)

## Relation entre les images

Le premier critère qui guide le recalage repose sur les caractéristiques des images traitées ainsi que sur le type de relations qui existent entre les signaux. Ce critère conditionne le type de traitement qui permettra de superposer les éléments à recaler.

### Dimension

Une procédure de recalage peut s’effectuer entre des signaux de différentes dimensionnalités. Les comparaisons s’effectuent dans la majorité des cas entre deux signaux de même nature : deux sons, deux images, ou deux volumes. Bien que des problématiques telles que le recalage d’une bande sonore sur une vidéo existent (recalage d’un signal 1D sur un signal 2D+t). La mise en relation d’une image avec un volume est possible et principalement pratiquée dans le domaine médical [Riv12]. La dimension temporelle peut être incluse dans la problématique.

Les méthodes élaborées dans cette thèse sont conçues pour des paires d’images 2D monomodales. Nous nous limiterons donc à des signaux de dimension 2.

### Modalité

Les images peuvent être issues d’une même modalité (captées avec le même type d’appareil) ou multimodales. Dans le premier cas, les images représentent un même objet à différents moments (suite temporelle) ou suivant différents angles (analyse multiposition). L’analyse temporelle permet la détection de mouvement dans un cadre de télésurveillance, ou encore la mise en évidence de l’évolution d’une tumeur dans un cadre médical [Mai98]. L’analyse multiposition permet de reconstituer des objets en 3D à partir d’images 2D

(plusieurs vues d'un même objet) ou de construire une mosaïque d'images, afin de créer une image plus grande que ne le permet le capteur.

Les images issues de différentes modalités permettent, quant à elles, de fusionner différents types d'informations. Dans un premier temps, le recalage était effectué à partir de la détection de points spécifiques. Woods a, par la suite, ouvert la voie de l'analyse fondée sur les intensités des images [Woo92]. Cette approche est fondée sur l'observation qu'il existe une relation entre les intensités lumineuses, même si cette dernière est plus complexe que dans le cas monomodal. La relation qui existe entre différents signaux peut être caractérisée, par exemple, par un histogramme joint. La mesure la plus utilisée est l'information mutuelle. Les pionniers de l'utilisation de ce type de méthodes sont Viola [Vio95] et Collignon [Col95]. D'autres applications utilisent ce même principe, pour la classification d'éléments dans des images satellite exploitant différents spectres (radar, infrarouge ...) [Mah02].

## Type d'objets

Les paramètres du recalage vont varier selon le type d'objet à recalcr et également selon la relation qui existe entre les objets. Des clichés inter-objets présentent une similarité différente des clichés intra-objet. En effet, même lorsque les objets sont vus sous des angles différents, la comparaison de deux objets identiques offre plus de similarités que la comparaison de deux objets différents même s'ils font partie d'une même classe. Par ailleurs une image peut être recalée sur un atlas, l'image traitée est structurée en recalant chacune des entités qui la composent aux positions indiquées sur le modèle [Laz85, Chu04, Wan08]. Les atlas sont utilisés dans le cadre de l'imagerie médicale où ils sont alors appelés atlas anatomiques.

## Choix des primitives

Dans toute méthode de recalage, le choix des primitives extraites (également appelées *amers* ou *landmarks* en anglais) est un des critères déterminants du succès.

Selon la nature des primitives choisies, deux approches se distinguent [Bro92] : les méthodes géométriques (détection et appariement de points de repère épars), et les méthodes iconiques (ou denses, analysant l'ensemble des intensités lumineuses de l'image).

## Méthodes géométriques

Les méthodes géométriques débutent par la détection et la caractérisation d'entités distinctives issues des deux images, appelées primitives (points, courbes, surfaces...). Leur caractérisation est nécessaire afin de superposer deux points représentant la même entité. Ces repères peuvent être intrinsèques au milieu observé (faisant partie de l'objet) ou extrinsèques (marqueurs, cadres stéréotaxiques...). Cette détection peut être effectuée manuellement par un expert ou par un algorithme. Ce choix fixe le degré d'automatisation de la méthode. Le choix



de ces primitives doit être guidé par certaines propriétés comme la robustesse de leur extraction (détection et position), leur répartition dans l'image, et le temps de calcul.

La précision du résultat obtenu augmente avec le nombre de points de repère et avec l'homogénéité de leur répartition. Toute erreur de localisation ou une mauvaise répartition dégrade la précision du recalage. L'impact de la précision de l'extraction des primitives sur le recalage est le point faible des méthodes géométriques. La moindre erreur de caractérisation de points de repère impacte très fortement le résultat. Cette sensibilité rend l'automatisation du recalage délicate si le processus de marquage n'est pas précis et robuste. Le choix des primitives doit être guidé par un certain nombre de propriétés [Zit03] : une détection facile et précise, une répartition des primitives sur l'ensemble de l'image, la robustesse au bruit, aux artefacts, et aux différents changements liés à l'acquisition.

Après extraction des primitives, les images sont superposées en minimisant la distance entre primitives appariées. Des méthodes telles que celle des moindres carrés peuvent être utilisées, comme dans l'algorithme Iterative Closest Point (ICP) décrit dans [Bes92] et encore utilisé aujourd'hui [Mai12]. Une autre possibilité est d'utiliser des détecteurs spécifiques donnant des primitives étiquetées et donc déjà mises en correspondance. Pour cela il faut que leurs descripteurs soient totalement indépendants les uns des autres. Il est également possible de définir un descripteur pour analyser le voisinage d'un point afin de le décrire et de l'apparier avec le point qui lui correspond le mieux dans l'autre image [Low04, Mik05].

Prenons par exemple une méthode développée par Arnaud Le Troter visant à reconstituer en 3D un paysage urbain à partir de différentes vues [Let09]. Cette reconstitution est fondée sur une mosaïque de photos prises par un système embarqué géo-localisé de trois caméras. Ces caméras prennent des triplets de clichés, automatiquement mis en correspondance entre eux grâce à la connaissance de l'orientation des caméras les unes par rapport aux autres. Les différents triplets d'images doivent ensuite être recalés pour former une mosaïque qui permettra de composer itérativement le modèle 3D de la ville.

Ce recalage s'effectue en deux étapes. La première consiste en un recalage initial à l'aide des données de positionnement GPS brutes. Cette étape fournit une estimation grossière de la position et de l'orientation de la caméra dans le repère géo-référencé du modèle 3D, pour chaque prise de vue. La seconde étape correspond au recalage automatique de triplets successifs de caméras par la résolution d'un système d'optimisation. Le premier triplet est précisément calibré puis recalé sur le modèle 3D. Pour estimer la position du triplet suivant, des points issus des deux triplets sont décrits et appariés à l'aide de la méthode SIFT. Cette méthode permet de caractériser un point par un descripteur multidimensionnel invariant aux facteurs d'échelle, aux rotations et à différentes luminosités. Les points issus de deux triplets différents sont mis en correspondance à l'aide d'une mesure performante de similarité. Pour chaque point d'intérêt d'une image, on cherche le point sur l'autre image le plus proche, au sens de la distance vectorielle. Après avoir vérifié que les appariements de points sont cohérents, leur position permet d'estimer les différentes transformations spatiales à appliquer au triplet d'images. Le second triplet est ainsi ajouté au modèle 3D. Cette opération est répétée itérativement jusqu'à avoir traité tous les triplets.

## Méthodes iconiques

Les méthodes iconiques utilisent différemment les informations contenues dans les images. Elles n'utilisent pas d'étape de réduction des données. N'ayant pas d'étape de segmentation du cliché, ces méthodes sont souvent entièrement automatiques. Elles utilisent l'ensemble de l'information, et effectuent une analyse de mesures statistiques de similarité (valeur des niveaux de gris, ordonnancement, distribution...). Il existe, dans le cas dense, différentes relations entre images, et donc différentes relations entre les intensités constitutives se correspondant. Quelques exemples de relations sont retranscrits dans la figure 2.11.

Soient  $i$  et  $j$ , deux intensités issues respectivement des images I et J, ces intensités représentant la même entité doivent être recalées aux mêmes coordonnées. Le critère de similarité utilisé dépend de la complexité de la relation qui existe entre les intensités lumineuses.

Dans le cas monomodal, la relation la plus simple que l'on peut imaginer est que les points représentant la même entité aient la même intensité lumineuse sur les différents clichés ( $i = j$ ). On parle de relation identité. Le recalage peut alors être solutionné par une différence absolue des intensités de l'image I et de l'image J transformée. Une telle relation n'est que rarement vérifiée, un même objet pouvant être représenté avec des intensités différentes (phénomène dû à la luminosité ambiante ou au temps d'exposition). On parle alors de relation affine ( $i = aj + b$ ) pouvant être évaluée à l'aide de la méthode de corrélation affine.

Dans le cas d'un croisement d'informations multimodales, la relation entre les images, et donc entre les intensités lumineuses, est souvent plus complexe. Un exemple d'un tel traitement est donné pour des images PET, CT et MR du cœur en [Bat07]. Il convient alors d'assouplir les relations possibles entre  $i$  et  $j$ . La relation n'est plus seulement affine, mais fonctionnelle au sens large ( $i = f(j)$ ) avec l'hypothèse qu'à une intensité  $i$  on peut associer une unique intensité  $j$ . Le rapport de corrélation permet ici de trouver la fonction  $f$ . Cette relation peut dans certains cas être encore moins restrictive. L'image est vue comme un ensemble de réalisations aléatoires dont il faut déterminer les dépendances entre couples  $(i, j)$ . Cette classification n'est plus stricte, on cherche donc à déterminer la probabilité que  $i$  correspond à  $j$ . Cette méthode utilise les histogrammes conjoints, on parle alors de relation statistique.

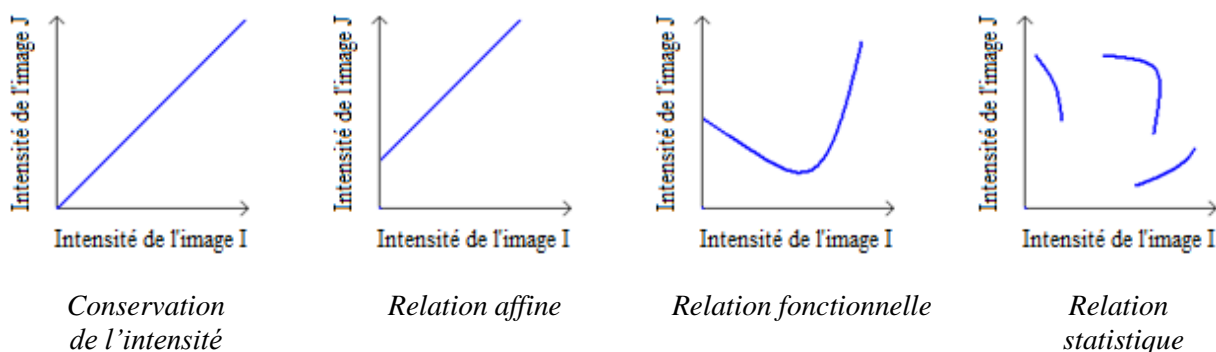


Figure 2.11 – Exemple de relations fonctionnelles entre les intensités contenues dans deux images

Le principal défaut de ces méthodes iconiques est qu'elles demandent un temps de calcul bien plus important que les méthodes géométriques à cause du volume de données traitées. Il faut également prendre en compte le fait qu'il n'est pas toujours trivial de trouver la relation reliant deux images dans le cas multimodal. Certaines approches basées sur une transformation affine ou polynomiale tentent de modéliser cette relation entre images [Gui01].

Notons qu'il existe également des méthodes hybrides qui exploitent à la fois des primitives extraites afin d'avoir un recalage rapide et fiable, mais également les niveaux de gris constituant l'image afin d'affiner le résultat obtenu [Wan05, Sor06].

## Type et échelle de déformation

Les choix de la transformation  $t_0$  ainsi que de l'ensemble des transformations possibles  $T$  doivent être guidés. Il n'est en effet pas possible de tester l'infinité des transformations pour conserver la meilleure. Il faut déterminer quel type de déformation l'objet observé a pu subir pour appliquer une approximation de la transformée inverse.

Dans les états de l'art dressés à ce jour, le type de déformation appliquée aux images est un facteur très important [Sur06]. Une méthode de recalage qui utilise uniquement des isométries (translations, rotations, réflexions) est dite méthode de recalage rigide. Si le recalage inclut des transformations affines ou élastiques, le recalage est non-rigide.

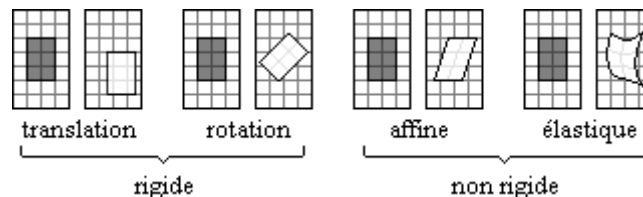


Figure 2.12 – Types de transformations

La combinaison de différentes déformations locales génère un "champ de déformation" qui transformera l'image recalée. Le choix du type de déformation va bien sûr dépendre du type d'images étudiées mais également du type de différences que l'on souhaite minimiser.

Cette présentation des différents aspects et caractéristiques montre bien la variété des types de solution possibles. Nous avons également souligné l'importance du type d'images étudiées, des déformations qu'elles ont pu subir et de l'utilisation qui sera faite des images recalées. Ces choix dépendant fortement du type d'application traitée, nous allons donc spécialiser l'état de l'art afin d'avoir une vision plus précise des processus existant dans un cadre donné : le recalage d'images médicales et en particulier de tissus mous.

## 2.2.3 Recalage d'images médicales

Il existe un très grand nombre d'applications où une étape de recalage est incluse. Les méthodes de recalage utilisées sont plus ou moins complexes. Cette complexité est à mettre en relation avec le type de déformation (ou différence) observé. Si certains cas nécessitent un simple repositionnement (translation et rotation), d'autres nécessitent un changement d'échelle, ou de luminosité, qui peut être traité par des transformations affines. Dans de nombreux cas, les déformations entre les images à recaler ne sont pas globales mais locales. Il faut dans ce cas utiliser des techniques de recalage non-rigide permettant des traitements plus localisés de l'image.

En d'autres termes, il faut élaborer une méthode adaptée à l'application visée. Dans le domaine du traitement d'images médicales, nous pouvons mentionner les applications suivantes du recalage [Mal06] :

- fusion d'informations des images de modalités différentes du même patient,
- mesure d'évolution des images de même modalité du même patient, mais acquises à des instants différents,
- comparaison des images de même modalité, mais de sujets différents,
- superposition d'atlas avec des images de modalités différentes de sujets différents.

L'étude bibliographique qui suit n'a en aucun cas pour vocation d'être exhaustive. Il s'agit ici de donner au lecteur une vue d'ensemble des différents types de méthodes proposées dans la littérature afin de mettre en évidence les problématiques relatives au recalage d'images et plus précisément au recalage d'images médicales. Le lecteur pourra se reporter aux ouvrages de références [Bro92, Wes97, Zit03] pour une bibliographie détaillée et à [Mai98] pour avoir un aperçu du nombre d'applications existant dans le domaine du recalage d'images médicales.

Nous nous appuyons ici sur les trois mêmes critères que dans la section précédente afin de mettre en avant l'importance de ces facteurs dans le recalage :

- la relation entre I et J,
- le type des primitives,
- le type de déformation appliquée.

## Relation entre les images

Les applications du recalage dans le cadre de l'analyse d'images médicales sont multiples. Chaque croisement d'informations va utiliser un recalage spécifique. On entend par croisement, la relation entre les modalités, la dimension (espace et temps) qui existe entre les images.

L'analyse d'un couple d'images monomodales intra-patient permet la détection d'une évolution dans le cadre d'un suivi dans le temps ou encore des analyses post-opératoires [Mai98]. L'information complémentaire fournie par ce type d'analyse est donc la détection d'évolution, de différences caractéristiques, dans un contexte donné.

L'analyse d'un couple d'images multimodales intra patient permet de fusionner différents types de données. Le type de fusion va bien sûr dépendre des différentes modalités utilisées. Il en existe deux familles : l'imagerie anatomique (telle que les échographies, IRM ...) et l'imagerie fonctionnelle (scintigraphie, PET ...). Ces différents types d'images permettent de donner des informations complémentaires, mais pas toujours facile à superposer. Les analyses multimodales sont fréquentes dans le monde médical car il est ainsi possible de superposer différents types de données fonctionnelles ou des données fonctionnelles à des données anatomiques (exemple du recalage CT-TEP, très utilisé en oncologie pulmonaire [Cha07, Mor08, Thi11]). On peut ainsi visualiser un phénomène tout en le localisant facilement [Bet09].

Le recalage inter-patients est également utilisé. Les méthodes mises au point sont fondées sur la comparaison d'un ensemble de tissus sains, issus de un ou plusieurs patients (une base saine) avec une nouvelle image à expertiser. Cette base de tissus sains peut prendre différentes formes. Cela peut être un ensemble de textures caractéristiques ou ce qu'on appelle un « atlas ». Cet atlas est un modèle de la partie du corps traitée (modèle synthétique ou obtenu à partir de la fusion des caractéristiques de plusieurs images représentant des tissus sains). Les images des patients sont alors repositionnées sur ce modèle, permettant soit une analyse automatisée, soit une aide au diagnostic, effectuée par un expert. Un atlas constitue un *a priori* très fort sur les images à déformer puisqu'il s'agit de trouver un modèle applicable à plusieurs images de plusieurs patients. Cette méthodologie est par exemple régulièrement appliquée aux IRM cérébrales [Eva94, Nob05].

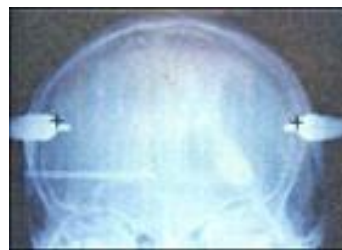
Le type de modalité utilisée est un paramètre important à prendre en compte. La radiologie va plutôt mettre en avant des éléments structurels comme les os, l'IRM ou les échographies permettent de délimiter les tissus mous, et l'histologie offre une observation anatomo-fonctionnelle de l'ensemble observé. Les choix dépendent donc de l'utilisation qui est faite des clichés. Pour obtenir une aide au diagnostic pertinente, il est intéressant de pouvoir étudier l'ensemble des données que l'expert humain aurait étudié. En effet, un praticien confronte souvent plusieurs clichés pour en extraire un diagnostic. Dans le cadre des mammographies, les experts analysent soit une série temporelle, soit une paire bilatérale afin d'effectuer une comparaison tissulaire. Bien qu'il existe des différences entre les algorithmes élaborés pour ces deux types de séries d'images, la plupart des procédés applicables aux paires bilatérales le sont également aux séries temporelles. L'inverse peut ne pas être vrai si les primitives utilisées sont des tissus internes du sein. Les similarités étant moindres sur une paire bilatérale que sur une série temporelle, l'algorithme peut ne pas être adapté.

## Choix des primitives

La difficulté de toute analyse de ce type augmente avec le degré d'automatisation du processus. L'extraction de points saillants, permettant de se repérer dans les images, est un point crucial de l'automatisation du processus.

### Méthodes géométriques

Dans le cadre d'un recalage géométrique, les primitives sont soit extrinsèques, soit intrinsèques. On entend par primitives extrinsèques des marqueurs qui résultent d'un dispositif extérieur au patient, donnant des points de repère représentatifs de sa position dans l'espace, ajoutés au moment de l'acquisition des images et visibles dans les images à recaler. Ces marqueurs peuvent être des billes ou des pastilles autocollantes fixées sur la peau du patient (cf Fig. 2.13), des vis, ou encore un cadre stéréotaxique. Une fois les primitives extraites et mises en correspondance, le calcul de la transformation de ces points est immédiat. Le reste de l'image recalée est calculé par extension de la déformation à l'ensemble de l'image. Ce type de procédé permet de faciliter le repérage des primitives, puisqu'elles sont choisies pour leur détectabilité. Leur principal inconvénient est qu'elles sont souvent jugées comme invasives pour le patient. L'utilisation de primitives extrinsèques est néanmoins répandue dans le cas du recalage d'un couple d'images multimodales (par exemple entre images US et IRM [Pag00]). Ces primitives sont choisies pour être visibles sur les deux types de clichés qui n'ont pas toujours de points communs directement visibles.



*Figure 2.13 - Exemple de points de repère extrinsèques sur une radiographie du crâne [Tro08]*

Les amers intrinsèques sont des points de repère anatomiques remarquables (cf Fig. 2.14). Les méthodes reposant sur de tels points, dépendent, dans le cas d'un repérage manuel, de l'opérateur. Elles nécessitent une grande expérience pour l'utilisateur, particulièrement pour un recalage multimodal. Par ailleurs, ce pointage est une tâche fastidieuse, consommatrice de temps pour l'équipe médicale.

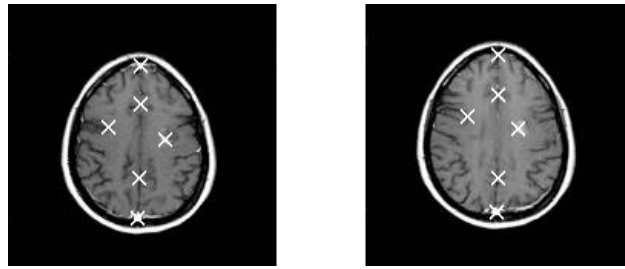


Figure 2.14 – Exemple de points caractéristiques intrinsèques sur un cliché IRM

Dans le cadre du recalage de mammographies, les primitives ne peuvent pas être extrinsèques. La nature déformable de la peau à la surface du sein ne permet pas l'utilisation de cette approche. Les seuls points détectables et qui peuvent être mis en correspondance de manière robuste, sont des repères anatomiques [Wir99]. Des points de repère comme le mamelon ou le centre d'une masse peuvent être utilisés pour repositionner deux images. Le repère le plus couramment utilisé est le contour du sein, ce point de repère étant le plus facile à extraire. Les recalages géométriques de mammographies se limitent souvent à superposer le contour des seins et les bords de l'image. Les résultats d'un tel recalage dépendent grandement du cadrage du cliché. Nous pouvons imaginer que deux praticiens faisant deux clichés avec quelques mois d'écart ne cadreront pas leurs épreuves de manière parfaitement similaire. D'autres primitives sont nécessaires à l'affinement du résultat.

Le mamelon ou la courbure du contour sont utilisés dans plusieurs méthodes pour améliorer ce type de technique [Lau91, Mar00, Ric00a]. Lau et al. [Lau91] extraient trois points de courbure maximale du contour. Le plus souvent, ces points correspondent à la position du mamelon et aux deux points de rencontre du contour du sein et de la paroi thoracique. Ces trois points de contrôle permettent de calculer la transformation affine qui recalera les clichés.

D'autres amers, comme la délimitation entre le muscle pectoral et le sein, peuvent être détectés à l'aide de la transformée de Hough [Fer00]. La délimitation générée est alors une droite, ce qui est une simplification de la courbure de cette délimitation.

Certaines méthodes utilisent les centroïdes des anomalies détectées pour aider au recalage (macrocalcifications, masses). Des techniques d'extraction et de mise en correspondance de points internes ont été tentées. Elles sont basées sur l'application de différents filtres (Moravec, ondelettes, filtres d'orientation...) [Sal96, Sal97] ou sur la détection de structures internes (conduits lactaires, vaisseaux sanguins...) [Vuj97] à l'aide d'un détecteur de lignes.

Le principal problème de ces méthodes est qu'on ne connaît pas les modifications qu'entraîne un aplatissement différent du sein d'un examen à l'autre. Les deux clichés peuvent donc présenter d'importantes différences, ce qui complique la phase de mise en correspondance des points extraits. C'est pour cette raison que la plupart des primitives utilisées dans la littérature sont des repères anatomiques. Dans une méthode recherchant des points saillants, il faut caractériser ces points et réussir à les mettre en correspondance. Si les points de repère sont des structures anatomiques, la mise en correspondance est automatique (mamelon sur mamelon, contour du sein sur contour du sein ...). Cependant, la visualisation



obtenue varie grandement d'une patiente à l'autre et chaque primitive a une qualité d'extraction variable selon les couples de clichés.

Bien qu'un grand nombre de combinaisons de points de repère existent dans la littérature, une comparaison des résultats de ces différentes combinaisons est une piste de travail intéressante pour déterminer de manière rigoureuse quels repères sont les plus fiables.

## Méthodes iconiques

Les méthodes de recalages iconiques n'utilisent pas de points de repère à proprement parlé. Elles sont basées sur l'évaluation de la similarité des images et une stratégie permettant de maximiser ce critère de similarité. Théoriquement, ces méthodes sont plus flexibles que les méthodes géométriques.

Pour l'évaluation de la similarité, une mesure classique est l'information mutuelle (2.7) fondée sur l'entropie des images (2.8).

$$IM(I,J) = H(I) + H(J) - H(I,J) \quad (2.7)$$

$$H(I) = - \sum_C p_i \cdot \log(p_i) \quad (2.8)$$

avec  $I$  et  $J$  les images traitées,  $C$  l'ensemble des  $n$  couleurs de l'image et  $i$  variant dans  $C$ .

La maximisation de l'information mutuelle, consécutive à une transformation de l'image, s'apparente à un recalage [Wel96, Mae97]. D'autres mesures de similarité peuvent être utilisées comme la valeur absolue des différences, le carré des différences, un coefficient de corrélation ou encore le critère de Woods [Woo92].

Une méthode de recalage iconique est également fondée sur une stratégie de résolution. La seule stratégie permettant de trouver la solution optimale est une recherche exhaustive des solutions. Le temps de calcul nécessaire étant trop élevé, il faut déterminer des optimisations. Les méthodes les plus utilisées sont la descente de gradient, le recuit simulé, les algorithmes génétiques, etc. Une autre optimisation possible est la limitation des transformations appliquées à l'image ou encore des applications multiéchelles.

Plusieurs méthodes de ce type ont été élaborées, comme des méthodes élastiques et hyper-élastiques [Ric00b, Ric03]. Ce modèle unifie dans un même cadre variationnel, deux approches : une première, fondée sur la segmentation des régions d'intérêt et une autre, basée sur les niveaux de gris. Plus précisément, les auteurs posent un problème de minimisation d'énergie sur la région du sein, avec des conditions aux bords qui sont dérivées d'une mise en correspondance préliminaire des contours des seins. L'énergie à minimiser est basée sur deux termes : le premier est une énergie qui vise à conserver une certaine régularité dans la transformation afin d'éviter les aberrations, le second est une énergie qui doit être itérativement diminuée afin de recalculer un cliché sur le modèle. Cette technique donne de bons résultats, mais elle est très coûteuse en temps de calcul, puisque le calcul des énergies implique un traitement de l'ensemble des niveaux de gris de l'image. De plus, la diminution



de l'énergie se fait par paliers successifs. Pour converger vers la meilleure solution, il faut donc effectuer plusieurs tentatives, les évaluer, et les comparer entre elles, ce qui est coûteux en temps de calcul.

Les méthodes géométriques sont plus rapides à exécuter. Les méthodes iconiques présentent l'avantage de ne pas utiliser de points de repère. La détection de ces points d'intérêt et leur caractérisation étant complexes, les deux types de méthodes offrent des perspectives intéressantes.

Il est difficile de déterminer quel type de méthode donne les résultats les plus pertinents dans le cadre des mammographies, en raison du grand nombre d'articles publiés et de la variabilité des images utilisées pour évaluer les méthodes. Une liste non exhaustive des différentes méthodes élaborées est donnée dans [Sur06]. Le point important est de réussir à minimiser les déformations dues au changement d'orientation, de cadrage ou d'aplatissement du sein, sans modifier l'aspect des évolutions tissulaires que l'on veut étudier.

Les méthodes géométriques semblent être limitées au niveau de la précision de la superposition, mais les méthodes iconiques sont longues à converger vers la meilleure déformation et peuvent même finir par gommer toute évolution tissulaire, ce qui n'est pas le but dans le cadre d'une recherche d'anomalie tissulaire.

## Type et échelle de déformations

Le type de déformation subi par les tissus captés sur les images va avoir une grande influence sur le recalage de l'image. Quels que soient les tissus visualisés, il faut donc une méthodologie générale que l'on puisse contextualiser à chaque organe mais également, au phénomène que l'on souhaite observer ou comparer sur les images. La physique des tissus traités doit être maîtrisée. Un état de l'art sur la modélisation de tissus mous a été publié par [Del98]. L'implémentation des caractéristiques biomécaniques reste une difficulté de par la complexité et la diversité des comportements des tissus vivants.

Les contraintes imposées (principalement le temps de calcul) ne permettent pas de tester un ensemble de transformations trop vaste. Un calcul du critère de déformation sur l'ensemble des pixels de l'image est également trop lent à effectuer (tel que celui effectué dans les méthodes dites iconiques). Bien qu'elles permettent certaines déformations locales plus précises, elles pourraient modifier la taille d'anomalies potentielles, masquant ainsi une évolution. De plus, encore aujourd'hui, les méthodes de recalage rigide continuent à être utilisées dans le monde de l'image médicale [Gre11, Xia11, Com12]. La grande simplicité et rapidité d'exécution garantissent des traitements efficaces pour une tâche spécifique. Il faut donc trouver le bon compromis.

## 2.2.4 Conclusion

Dans le cadre de nos recherches, la finalité n'est pas de rendre les images identiques, mais d'étudier les différences significatives qui permettront la localisation ou le suivi des évolutions des anomalies. Toutes les différences que l'on observe (noté  $Diff$ ) sont la somme des différences de cadrage et d'orientation ( $Diff_{cad}$ ), des déformations mécaniques de l'organe ( $Diff_{mecha}$ ) et des différences réelles dans le cadre de séries temporelles ( $Diff_{réel}$ ) (2.9). L'objectif du recalage d'images médicales est l'évaluation des anomalies, de leurs apparitions et de leurs évolutions, le recalage de tissus mous doit minimiser  $Diff_{cad}$  et  $Diff_{mecha}$  pour mettre en évidence les  $Diff_{réel}$  (2.10) :

$$Diff(I, J) = Diff_{réel}(I, J) + Diff_{cad}(I, J) + Diff_{mecha}(I, J) \quad (2.9)$$

$$t_0 = \underset{t \in T}{\operatorname{argmin}} [ Diff_{cad}(I, t(J)) + Diff_{mecha}(I, t(J)) ] \quad (2.10)$$

Le recalage ne doit pas modifier la taille d'anomalies potentielles, pouvant par exemple masquer la croissance d'une masse lors de l'étude d'une série temporelle de clichés. Il ne doit pas non plus pouvoir effectuer des déformations trop localisées au risque de masquer des modifications d'architecture dans les tissus. Il faut donc recaler les contours et délimitations des différents organes et ensembles de tissus sans pour autant complètement modifier l'organisation interne de ces tissus.

Les méthodes élaborées doivent être robustes et efficaces. Le champ de déformation produit doit être pertinent et rapide à appliquer. Dans ce type de traitement complexe ayant des objectifs concurrents, une hybridation des méthodes pourrait nous aider à trouver le meilleur compromis.

## 2.3 Décomposition parcimonieuse appliquée à l'analyse d'image

Comme nous l'avons présenté dans la section 2.1, une analyse d'image se fonde sur la détection d'information d'un certain niveau. Le choix du niveau auquel est traité un signal est conditionné par le type d'images ainsi que par les informations que l'on souhaite mettre en évidence. Il est possible de rechercher différents types d'éléments dans un signal. Mais il est également possible de rechercher un espace de représentation adapté au problème à résoudre. Il s'agit de ré-encoder le contenu de l'image, et plus précisément, de l'exprimer dans un nouveau référentiel plus adapté à l'analyse. On entend par « plus adapté », que cette nouvelle représentation permette de faire ressortir l'information utile dans son environnement. Un changement d'espace permet d'obtenir une nouvelle représentation et ainsi d'analyser le signal sous un autre angle en révélant des propriétés inaccessibles dans le domaine original. Le principe de la parcimonie vise à trouver une représentation qui concentre l'information utile dans un petit nombre de paramètres non nuls, en comparaison du grand nombre de paramètres associés au référentiel utilisé.

Pour un signal  $S$  donné, il existe de nombreuses représentations équivalentes, c'est-à-dire sans perte d'information, les plus utilisées sont sans doute les décompositions fréquentielles. L'utilisation d'une décomposition d'un signal dans un nouveau référentiel afin d'obtenir une représentation parcimonieuse a connu un essor considérable ces dernières années. La problématique de la parcimonie a fait l'objet de nombreux travaux concernant les signaux sonores mais aussi les images.

Si les applications les plus connues sont du domaine de la compression (JPEG, MP3 ...), cette notion est également très présente dans la représentation de fonctions [Hon07], ou le débruitage [Dab08]. Une telle méthodologie peut également servir pour la séparation de source [Bob99], ou de « type » de données.

Dans cette section, nous rappellerons la définition ainsi que les différents travaux qui gravitent autour de la problématique de la décomposition parcimonieuse d'un signal. Dans le cadre de cette thèse, nous nous intéresserons principalement aux travaux effectués sur des images.

### 2.3.1 Définition

Soit un signal  $S$ , composé d'un agencement d'éléments constituant dans un domaine  $E$  donné. Les éléments couramment utilisés pour les images en noir et blanc sont les niveaux de gris. Un tel signal peut être mathématiquement défini par :

$$S = \sum_{(i,j) \in E} ndg(i,j) \cdot \delta_{(i,j)} \quad (2.11)$$

où  $ndg(i,j)$  représente un niveau de gris, ou les atomes constitutifs du signal, et  $\delta_{(i,j)}$  est le dirac en  $(i,j)$ , il indique la distribution de cette primitive constitutive dans l'image.

Un signal  $S$  de dimension  $n$  est dit  $K$ -parcimonieux, si on peut représenter, ou approximer, le signal  $S$  avec  $K$  composantes (ou atomes) d'une base comportant  $n$  éléments ( $K \ll n$ ). Le but est de trouver les  $K$  éléments qui, en nombre restreint, représenteront au mieux le signal, dans un référentiel adapté.

Dans la littérature, l'ensemble des atomes utilisés est appelé dictionnaire. Notons  $D$ , le dictionnaire, et  $D = (a_k)_{k \in \{1, \dots, K\}}$ . Un signal  $S$  donné est représenté relativement au dictionnaire  $D$  par une juxtaposition linéaire des atomes  $a_k$  suivant un vecteur de décomposition  $\Delta$  tel que :

$$S = \sum_{k=1}^K a_k \cdot e_k = D \cdot \Delta \quad \text{avec } e_k \in \mathbb{R}^n \quad (2.12)$$

Un exemple d'une telle décomposition du signal est donné dans l'exemple des figures 2.15 et 2.16 ci-dessous.

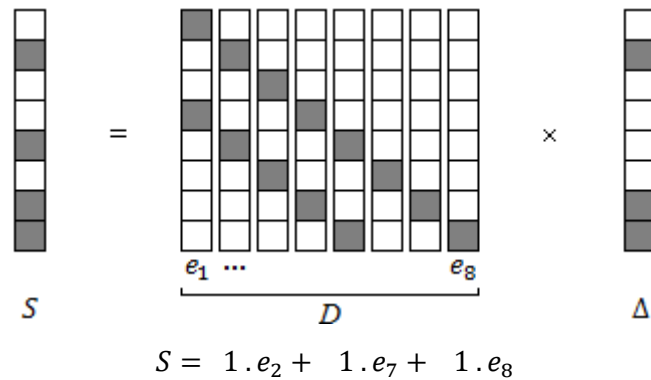


Figure 2.15 – Exemple de décomposition d'un signal dans une base

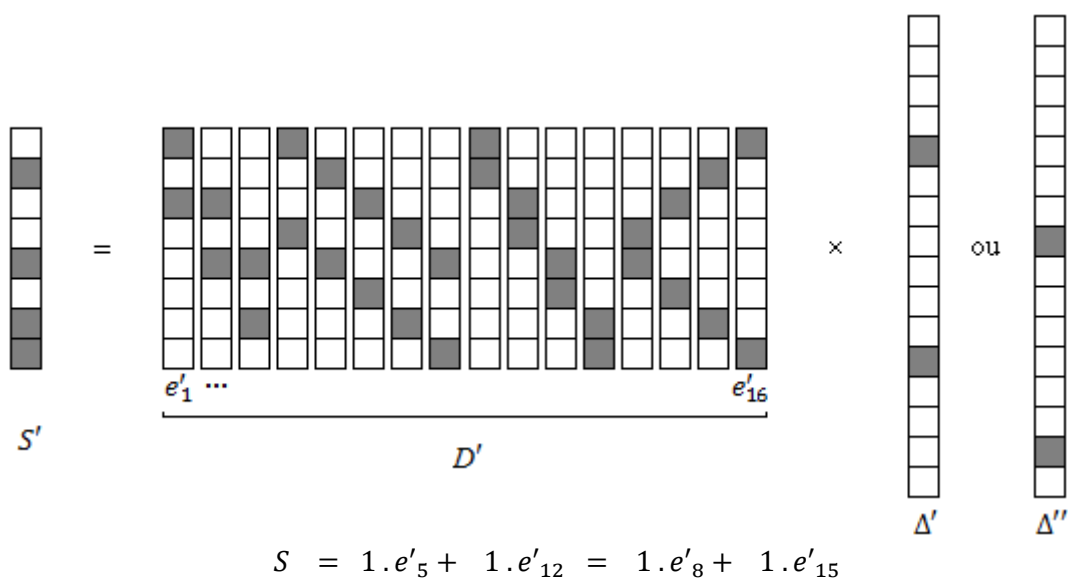


Figure 2.16 – Deux décompositions possibles d'un signal relativement à un dictionnaire redondant

Une telle décomposition est parcimonieuse dans le cas où le vecteur  $\Delta$  est principalement constitué de 0. L'idée est de coder le signal étudié à l'aide d'un nombre réduit d'atomes fortement corrélés au signal  $S$ . Une approche permettant d'obtenir une représentation parcimonieuse est l'utilisation d'un dictionnaire redondant. On remarquera que la représentation du signal n'est pas unique avec un tel dictionnaire. La figure 2.16 montre deux exemples ( $\Delta'$  et  $\Delta''$ ) de décomposition d'un signal  $S'$  à l'aide d'un dictionnaire  $D'$ .

Dans la plupart des cadres applicatifs, bien que l'entropie d'un signal naturel soit faible en comparaison de l'ensemble des signaux pouvant être imaginé, la décomposition exacte de  $S$  peut nécessiter un dictionnaire très important pour représenter toute sa richesse. Ce grand nombre d'atomes réduit l'efficacité de ce type de méthodologie. Si une reconstruction parfaite du signal est une bonne chose pour la compression par exemple (cf [Mat02] pour une étude de différentes compressions fondées sur la parcimonie), une problématique de classification n'aura pas besoin de ces mêmes paramètres. Il est donc parfois nécessaire de simplifier le signal, ou de regrouper certains constituants « proches » d'après le dictionnaire utilisé. Le signal est alors approximé, à un seuil  $\varepsilon$  près.  $\varepsilon$  représentera l'erreur maximum de reconstruction du signal tel que :

$$\|S - D \cdot \Delta\|_p < \varepsilon \quad (2.13)$$

avec la norme  $L_p$  définie par :  $\|x\|_p = (\sum_i |x_i|^p)^{1/p}$

Les atomes constituant le dictionnaire peuvent prendre différentes formes : des sinusoides (cas de la transformée de Fourier), des gaborettes, des ondelettes ou encore des portions de l'image étudiée (cf Fig 2.17 & 2.18).

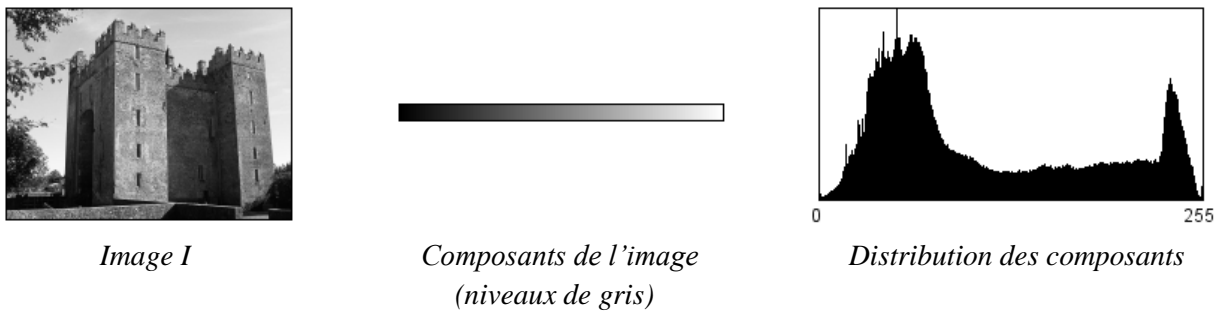


Figure 2.17 – Image en 256 niveaux de gris, où chaque élément de la base de représentation est utilisé

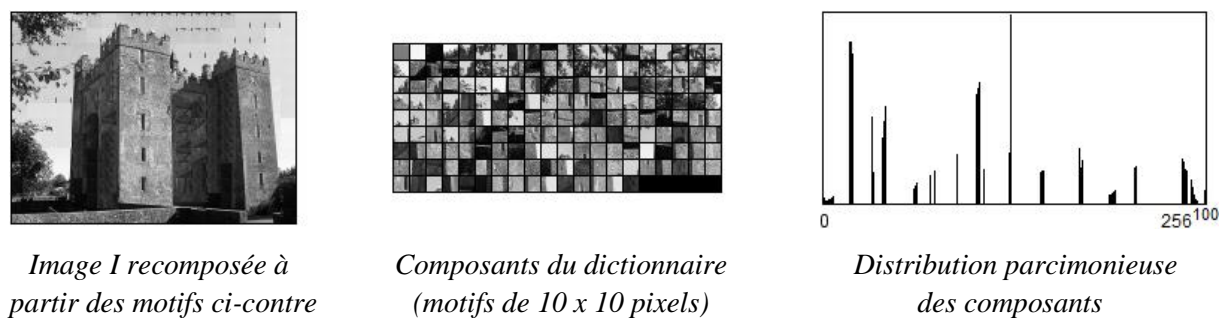


Figure 2.18 – Image construite à partir d'un vocabulaire de 117 éléments dans un dictionnaire de  $256^{100}$  possibilités (10 x 10 pixels de 256 niveaux de gris)

Cette section a pour but de retranscrire l'éventail des possibilités, les forces et les faiblesses, de ce type d'approche. Les paragraphes suivants traitent des différents points qui sont au cœur du changement de représentation du signal visant à obtenir une distribution parcimonieuse de ces atomes constitutifs. Pour arriver à un tel résultat, deux aspects principaux doivent être pris en compte :

- le domaine de représentation des atomes (portion du signal, ondelettes ...),
- la méthode permettant d'élaborer un dictionnaire.

Après un rappel des principaux espaces de représentation utilisés, ainsi que des algorithmes de décomposition du signal pour un dictionnaire donné, nous ferons un tour d'horizon des différents types de méthodes de décomposition du signal.

## 2.3.2 Domaine de représentation

Le dictionnaire est l'ensemble des entités, ou atomes, permettant de reconstituer ou d'approximer le signal. La définition du dictionnaire est un enjeu important dans une étude reposant sur la parcimonie du signal. Le choix du dictionnaire est au cœur du degré de parcimonie. Les différentes problématiques (compression, séparation de sources ...) ainsi que la variété des signaux (musique, écho radar, photo, image médicale ...) ne permet évidemment pas l'utilisation d'un dictionnaire universel. Il existe deux types de dictionnaires d'atomes :

- atomes de synthèse : fondés sur des propriétés ou fonctions adaptées au signal étudié,
- atomes réels : constitués d'une portion de données, comme les dictionnaires adaptatifs obtenus par apprentissage présentés dans [Pey07].

Les constituants artificiels ont pour objectif de décomposer l'image traitée à l'aide d'une famille d'atomes simples. Ces atomes doivent être suffisamment élémentaires pour retranscrire une classe de fluctuation dans l'image. Les dictionnaires artificiels sont simples d'utilisation mais doivent être bien adaptés au signal traité pour obtenir une forte parcimonie. L'utilisation de représentations temps/fréquence est très répandue. La force de ce type de dictionnaire consiste en la possibilité de coder une portion du signal avec un élément du dictionnaire ayant subi une transformation. Le dictionnaire devient alors un ensemble pouvant générer de nouveaux atomes. Les atomes permettant de décomposer le signal dans des repères temps/fréquence les plus connus sont la transformée de Fourier, les ondelettes, ou encore, plus spécifiques, la transformée en Ridgelets, les Curvelets [Can02]. Afin de mieux appréhender ce type de représentation, l'élaboration d'un dictionnaire basé sur la transformée de Fourier et sur les ondelettes est détaillé ci-dessous.

Les atomes réels sont des « patterns » extraits du signal lui-même. Dans le cadre du son, un signal court peut ainsi représenter une note, ou un ensemble de signaux peuvent représenter un instrument donné. Pour les images, une portion de signal revient à extraire une image sans limite de forme. Quelques exemples applicatifs sont retranscrits dans cette section pour illustrer les différentes possibilités de représentation du signal.

## Transformée de Fourier

La transformée de Fourier est utilisée afin d'obtenir une représentation différente d'un signal, mieux adaptée à certains types d'analyses. Un son est un signal qui varie en fonction du temps (un signal  $S^1(t)$ ). Les images ont un signal variant en fonction des coordonnées visées (un signal  $S^2(x,y)$ ). La transformée de Fourier permet de décomposer ces données en fonction des fréquences qui les composent. Le signal est alors écrit comme une somme infinie de signaux sinusoïdaux, autrement dit sous la forme d'une somme de sinus et de cosinus (cf Fig 2.19). Le signal transformé est la représentation fréquentielle du signal de départ. Plus le nombre d'harmoniques utilisées est élevé, plus la reconstruction sera précise. En fonction des propriétés du signal initial, la convergence de la suite sera uniforme ou non.

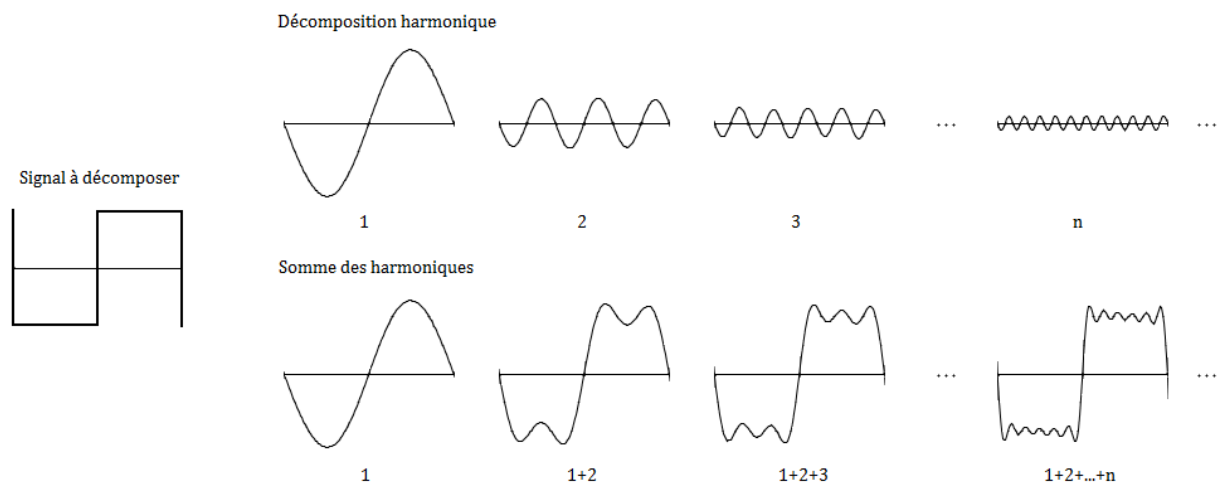


Figure 2.19 – Exemple sur un signal créneau

Soit une fonction  $f$  de  $\mathbb{R}$  dans  $\mathbb{C}$ . On définit la transformée de Fourier d'une fonction continue  $f$  de carré intégrable par :

$$F(u) = \int_{-\infty}^{+\infty} f(x) e^{-i2\pi ux} dx \quad (2.14)$$

Une des propriétés de la transformée de Fourier est qu'elle est inversible (sous certaines conditions), permettant ainsi de passer de la décomposition fréquentielle à la représentation habituelle du signal :

$$f(x) = \int_{-\infty}^{+\infty} F(u) e^{+i2\pi ux} du \quad (2.15)$$

La transformée de Fourier discrète permet d'appliquer la transformée aux signaux numériques. En deux dimensions, pour une image, cela donne la formule suivante :

$$F(u, v) = \frac{1}{H} \frac{1}{L} \sum_{x=0}^{L-1} \sum_{y=0}^{H-1} f(x, y) \cdot e^{-i2\pi u \frac{x}{L}} \cdot e^{-i2\pi v \frac{y}{H}} \quad (2.16)$$

Notons qu'en pratique, une fois discrétisée, l'application de cette transformée est d'une complexité  $N^2$ . L'implémentation de cette méthode se fait aujourd'hui à l'aide de l'algorithme FFT (Fast Fourier Transform) [Coo68] qui réduit la complexité à  $N \cdot \log_2(N)$ .

La principale limite de la transformée de Fourier est qu'elle ne permet pas de localiser les différentes fréquences. Il n'est donc pas possible de connaître la localisation de ce qui varie rapidement ou lentement dans le signal, mais juste d'avoir une analyse globale de ce dernier.

Il existe une transformée qui permet de contourner ces problèmes : la transformée de Fourier à fenêtre glissante, introduite par Gabor [Gab46]. Dans cette méthode, on considère le signal à analyser comme appartenant à une fenêtre de longueur fixe qui glisse sur le signal pendant la transformation. Cette approche permet d'avoir une meilleure résolution spatiale que la transformée de Fourier.

Pour donner un exemple concret, Gramfort utilise la transformée de Gabor dans [Gra11] sur des images cérébrales fonctionnelles M/EEG, afin de localiser des sources d'activité cérébrale. La parcimonie des champs électromagnétiques est utilisée afin de séparer leurs sources. Des *a priori* spécifiques à ce type d'imagerie permettent de mettre en évidence la parcimonie des signaux électriques et de différencier leur origine (cortex pariétal, cortex sensoriel...).

Dans le cadre de certaines applications, le fait que le signal soit légèrement modifié peut être un atout, comme dans l'exemple du débruitage de musique [Ber94]. Si l'application vise à reproduire ou analyser des tissus vivants, tels que des tissus mous, pouvant être étirés ou compressés, davantage de souplesse sera nécessaire pour l'analyse. Les ondelettes permettent de contourner ces difficultés.

## Transformée en ondelettes

Les ondelettes [Tru98] reposent sur le même principe que la transformée de Fourier mais permettent de conserver une information spatiale. Les transformations utilisées ont pour objectif de modifier la description d'un signal en le décomposant en « éléments d'informations » en général plus simples à interpréter.

D'après la définition de Morlet et Grossmann [Gro89], une ondelette est définie à partir d'une fonction oscillante dont l'intégrale est nulle et décroissant rapidement vers l'infini (cf Fig.2.20). Ces caractéristiques permettent aux ondelettes de décrire un signal localement.

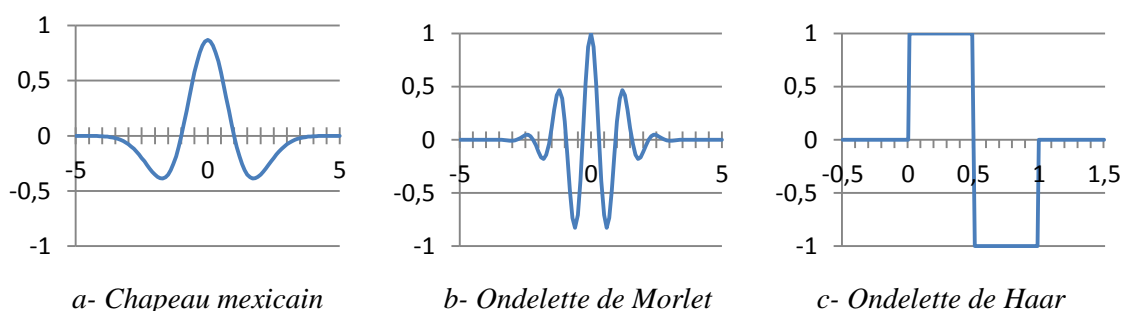


Figure 2.20 – Exemple d'ondelettes



La transformation en ondelettes continues est définie par :

$$F(a, x) = \int_{-\infty}^{+\infty} f(t) \psi_{a,x}(t) dt \quad (2.17)$$

avec  $\psi_{a,x}(t)$  ensemble des ondelettes conjuguées.

Comme il a été dit précédemment, la force de ce type de représentation est de pouvoir enrichir le dictionnaire avec des transformées d'atome. La famille d'ondelettes est générée à partir d'une ondelette mère à laquelle on applique des coefficients : dilatation et translation (cf Fig. 2.21). Les ondelettes sont alors définies par :

$$\psi_{a,x}(t) = \frac{1}{\sqrt{a}} \psi\left(\frac{t-x}{a}\right) \quad (2.18)$$

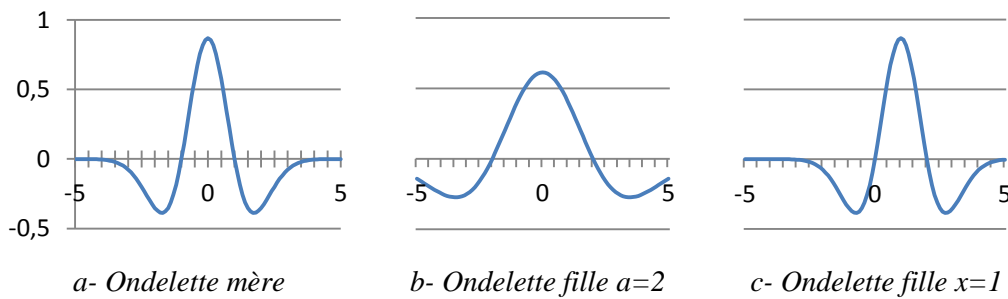


Figure 2.21 – Paramétrisation des ondelettes (chapeau mexicain)

Les paramètres de l'équation (2.18) sont  $x$  en 1D (ou  $x$  et  $y$  dans le cas 2D) pour régler la translation et donc la localisation de l'ondelette dans le signal transformé, et  $a$ , pour régler l'amplitude de l'ondelette. L'ensemble des ondelettes choisies pour reconstituer un signal est le dictionnaire d'éléments qui permettra de réécrire le signal comme une combinaison linéaire de ces éléments.

Les applications les plus connues des ondelettes sont la compression et le débruitage. Cette méthodologie est utilisée dans le standard de compression des images numériques JPEG 2000. Leur application à l'imagerie médicale date de 1992 et s'est largement répandue depuis. Dans ce contexte, les ondelettes sont utilisées également pour la compression et le débruitage, mais aussi pour l'analyse fonctionnelle de données médicales. La segmentation ou la description de textures permettent dans certains cas de fournir une aide au diagnostic.

En pratique, les ondelettes, et les transformées en général, ont un inconvénient majeur, la paramétrisation. Il faut également déterminer quel type d'ondelettes utiliser. Ces choix nécessitent de nombreuses connaissances *a priori* sur les caractéristiques du signal analysé et, sont donc peu transposables sans modification. Le plus souvent les choix sont faits de manière empirique après une étape d'expérimentation intensive sur une base de validation.

Selon le cas applicatif traité, une solution donnée ne sera pas assez robuste pour traiter l'ensemble des cas. Cela dépend de la variabilité que l'on peut observer dans le phénomène étudié. Les ondelettes décomposent très bien le signal mais restent une approximation à partir de signaux génériques adaptés à tout type de problème. De plus, une telle transformée nécessite du temps si la qualité de la recombinaison désirée est élevée. On ne peut reproduire les signaux qu'à partir d'ondelettes choisies, mais qui ne seront jamais aussi bien adaptées au signal qu'une portion du signal lui-même. Dans certains cas, des portions du signal lui-même sont utilisées pour générer une approximation très spécifique et qui s'adaptera à toute variabilité envisageable [Pey07].

## Atomes réels

Les paramètres permettant de choisir un dictionnaire sont avant tout le type de signal et le traitement qu'on souhaite lui faire subir, car le dictionnaire doit être aussi représentatif du signal traité que possible. Pour certaines problématiques, les transformées vues jusqu'à présent ne suffisent pas à bien représenter les données. On peut alors décider d'utiliser des portions de signaux réelles afin de caractériser ce dernier. L'élaboration d'un tel dictionnaire est basé sur des méthodes telles que des approches bayésiennes ou l'algorithme K-SVD (voir section "2.3.3 – Elaboration des dictionnaires"), traitant des portions des signaux de la même manière que les atomes vus précédemment. Les atomes sélectionnés représentent alors un *a priori* bien plus fort (et contraignant), et fortement représentatif de l'élément dont il est issu. Ce type de dictionnaire n'est pas adapté à des traitements effectués sur un jeu de données variées, mais pensé pour être appliqué à un signal de même type que ceux de la base d'apprentissage.

Des dictionnaires composés de portions de signaux sont, par exemple, utilisés dans le cadre du débruitage [Aha08], ou de séparation de sources [Pey07]. G. Peyré sépare les sources d'images composées de la somme d'une image naturelle et d'une texture de type connu. La texture est caractérisée par deux dictionnaires, un dictionnaire  $D_1$  de transformées en ondelettes, et le dictionnaire  $D_2$ , composé de motifs de taille  $l \times h$ , caractérisant différemment la même texture (cf Fig. 2.22).

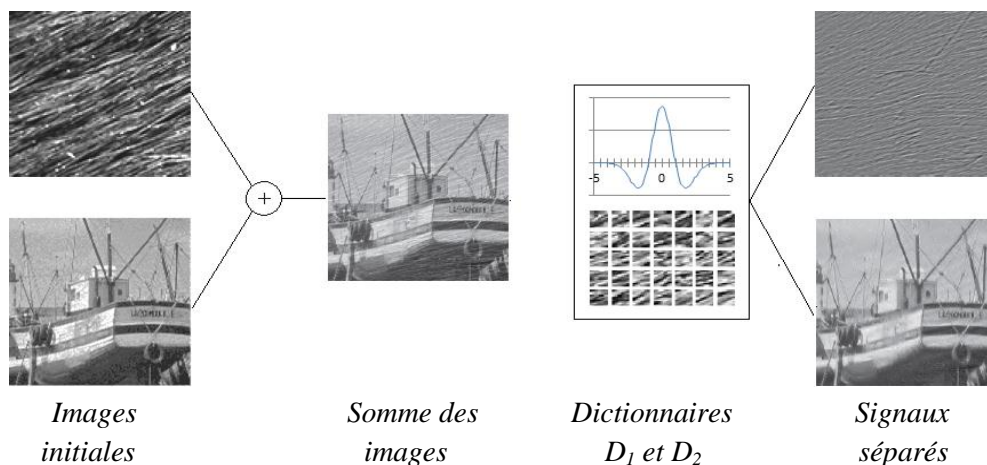


Figure 2.22 – Illustration de la séparation de source de G. Peyré [Pey07]

### 2.3.3 Méthodes d'élaboration d'un dictionnaire

On trouve dans la littérature de nombreuses méthodes d'élaboration de dictionnaires. Les méthodes regroupées dans ce paragraphe sont représentatives des méthodes existantes. Pour plus de précisions, A. Drémeau dresse un état de l'art précis de ces méthodes dans [Dre10].

Le dictionnaire peut avoir différents objectifs. Cela peut être une parcimonisation, une approximation ou une régularisation. Pour une parcimonisation, le but sera de minimiser le nombre d'atomes utiles à la recombinaison du signal. Une approximation visera une certaine qualité de recombinaison (seuil  $\varepsilon$ ). La régularisation est une hybridation de ces deux approches. Ces méthodes ont une complexité et une adaptabilité variables. Les plus représentatives sont décrites ci-dessous.

#### Meilleure base

L'objectif est de classifier l'ensemble des éléments constituant le signal  $S$ , tout en ayant une représentation la plus parcimonieuse possible. La première idée est de chercher la meilleure base possible, celle qui donnera la décomposition la plus parcimonieuse.

Soit  $S$  un signal donné,  $D$  le dictionnaire sélectionné, constitué de  $n$  atomes  $a_i$ , décomposer  $S$  revient à estimer le vecteur  $\Delta$  donnant la répartition la plus parcimonieuse possible telle que  $S = D \cdot \Delta$  (équation (2.12)) ou autrement dit, trouver le vecteur  $\Delta$  ayant le plus de coefficients nuls possible. Ce problème de minimisation s'écrit :

$$\min_{\Delta} \|\Delta\|_0 \quad \text{avec } S = D \cdot \Delta \quad (2.19)$$

où  $\|\Delta\|_0$  est le nombre de composantes non nulles de  $\Delta$

La résolution de ce problème est d'une grande complexité (NP-complet [Nat95]). Cela revient à tester l'ensemble des dictionnaires imaginables répondant aux propriétés sélectionnées.

Afin de contourner cette difficulté, on étudie une mesure relâchée de la parcimonie, selon le critère que l'on souhaite fixer. Le problème retranscrit dans l'équation (2.19) est simplifié en utilisant une autre norme. Le problème devient alors :

$$\min_{\Delta} \|\Delta\|_1 \quad \text{avec } S = D \cdot \Delta \quad (2.20)$$

où  $\|\Delta\|_1$  est la somme des coefficients de  $\Delta$

La minimisation de  $L_1$  est le problème appelé poursuite de base. La norme  $L_1$  entraîne une parcimonisation moins forte que la norme  $L_0$ , cette nouvelle norme mesurant la somme des valeurs absolues des coefficients de  $\Delta$ . La norme  $L_1$  donne un résultat moins optimal mais est très utilisée car elle permet de converger rapidement vers un résultat pertinent.

## Matching Pursuit

Le matching pursuit (introduit par S. Mallat [Mal93]), tout comme le problème de la meilleure base, est une parcimonisation. Au lieu de rechercher une solution globale, l'algorithme va itérativement chercher la solution d'un sous-problème donné. L'algorithme cherche itérativement l'atome le plus corrélé au signal dans le dictionnaire. Sa contribution est ensuite supprimée du signal. On répète itérativement ce processus jusqu'à obtenir le niveau d'approximation voulu. Cette méthode utilise donc les atomes les plus courants dans l'image pour la coder, au détriment des plus rares.

---

### Algorithme : Matching Pursuit

---

Soit  $S$ , le signal traité,  
 $D$ , le dictionnaire,  
 $a_k$ , un atome issu de  $D$ ,  
 $e$ , l'erreur de reconstruction,  
 $C(x, y)$ , la contribution d'un atome  $x$  au signal  $y$ ,

$i = 0$   
 $S(0) = \text{signal à décomposer}$   
 Tant que  $e(i) > \varepsilon$   
     |  $a(i) = a_k \text{ avec } a_k \text{ maximise } C(a_k, S(i))$   
     |  $S(i + 1) = S(i) - C(a(i), S(i))$   
 $i = i + 1$

---

Plusieurs variations de cet algorithme existent. L'Orthonormal Matching Pursuit [Pat93] est une amélioration du Matching Pursuit qui consiste en l'ajout d'une étape d'orthogonalisation afin d'obtenir à chaque itération la meilleure approximation possible. Par la suite, des variantes et extensions de ces deux algorithmes ont été dérivées. Citons pour exemple les algorithmes Optimized Orthogonal Matching Pursuit (OOMP) [Reb02], Complementary Matching Pursuit (CMP) [Rat08] et Complementary Orthogonal Matching Pursuit (COMP) [Rat09]. Ces algorithmes entrent dans le cadre général des algorithmes gloutons, dont une revue des nombreuses variantes est faite par Temlyakov dans [Tem08].

## Algorithme K-SVD

Proposée par Aharon et al. dans [Aha06], cette méthode s'appuie sur une décomposition du signal en valeurs singulières (SVD) pour estimer le dictionnaire  $D$ . Après une estimation de vecteurs parcimonieux par un algorithme de recherche, les atomes du dictionnaire sont mis à jour successivement. La contribution de l'atome considéré, noté  $a_i$ , est évaluée par une matrice d'erreurs de représentation correspondant à la différence entre la recombinaison de  $S_j$

$S_j^{+ai}$ . Les vecteurs obtenus forment une matrice dont on calcule ensuite la SVD. L'atome  $a_i$  peut alors être estimé par le premier vecteur propre ainsi calculé. L'algorithme K-SVD présente de très bonnes performances en comparaison avec les autres algorithmes de la littérature.

Bien d'autres méthodes existent. On peut citer l'approche Bayésienne qui pose le problème d'optimisation de dictionnaire dans un cadre probabiliste [Ji08, Dob09]. Ces analyses peuvent également être effectuées sur de multiples échelles. Le dictionnaire multi-échelles permet alors l'analyse d'un signal à différentes échelles et ainsi d'en tirer un codage arborescent des informations extraites. En effet, dans l'analyse temps-fréquences d'un signal, différentes largeurs de fenêtres seront utilisées. Ce modèle est répandu en traitement de la musique, afin de disposer d'une bonne résolution temporelle et fréquentielle, suivant l'échelle choisie.

Dans le cadre du codage par transformation, l'utilisation de dictionnaires redondants peut avoir des répercussions importantes sur le coût de codage des indices des atomes choisis pour la décomposition parcimonieuse. Une façon de réduire ce coût est d'introduire une certaine structure dans le dictionnaire, par exemple en considérant un ensemble de bases ou/et de référentiels. Cette structuration peut se traduire par des atomes rangés par classe, représentant chacun un type de signal (exemple dans [Pey07]) ou une organisation sous la forme d'un arbre permettant d'organiser le dictionnaire et d'atteindre plus rapidement un élément donné.

## 2.3.4 Conclusion

La décomposition parcimonieuse du signal permet d'obtenir une nouvelle représentation du signal. Les éléments constituant le dictionnaire apportent du sens à la décomposition par classe d'atomes. De plus, cette représentation conserve sous certaines conditions, un coup calculatoire acceptable du fait de la compressibilité du signal. La condition étant de générer un dictionnaire qui soit rapidement estimé, avec un nombre d'éléments aussi réduit que possible, tout en conservant une bonne représentabilité du signal. Ce tour d'horizon des possibilités que peut offrir la décomposition parcimonieuse, et surtout la possibilité de classer les différentes composantes d'un signal, permet de déduire qu'un dictionnaire intelligemment constitué doit pouvoir caractériser une texture. Les différents atomes qui forment un dictionnaire ont leurs caractéristiques propres et peuvent donc être différenciés et classifiés. Les atomes peuvent être regroupés mais chaque atome peut aussi être considéré comme une classe à part entière du signal.

Dans le cadre de l'étude d'un couple d'images médicales, la diversité des tissus, qu'ils soient sains ou malades, nous pousse à étudier une représentation basée sur des atomes réels. Le choix des atomes constituant le vocabulaire sera guidé par une élaboration rapide, et une représentativité forte avec peu d'atomes. Le principe de famille d'atomes générée à partir d'un mot du dictionnaire permettra une meilleure adaptabilité au signal tout en conservant un coup calculatoire faible. Dans un tel cadre méthodologique, l'évolution de la représentativité d'une classe de motifs est un indice d'évolution, et une méthode pour la quantifier. Une autre

piste sera de mesurer la distance entre chaque atome constituant l'image et les différents motifs du dictionnaire, afin de voir si la texture étudiée est bien représentée. Il devient alors possible de différencier ce qui est typique de ce qui est atypique comme nous le présentons dans le chapitre 4.

## 2.4 Conclusion

L'échelle d'analyse est centrale tout au long de cette thèse. Dans le cadre du recalage tout d'abord puis dans la comparaison d'informations issues de clichés différents, le choix des informations sélectionnées est crucial pour le résultat, mais également pour la logique de la méthodologie proposée. Certaines analyses se concentrent sur le pixel, information de base du signal image, d'autres essaient de caractériser des ensembles de points suivant leur forme ou leur composition. Les choix méthodologiques effectués dans cette thèse tendent toujours à rapprocher l'analyse, du comportement d'un expert, face à un problème de comparaison d'image médicale. Le choix des structures ciblées, la manière dont elles sont combinées et utilisées, découlent directement de l'état de l'art présenté dans ce chapitre, et des discussions avec des experts médicaux.

Une analyse effectuée par ordinateur ne peut évidemment pas retranscrire toute la subtilité du jugement humain. Notre but est de donner du sens aux choix effectués, et de reproduire un processus global, visant à détecter ce qui a évolué. La présentation de la méthodologie élaborée pendant ces années de thèse, et ayant permis de mettre au point ce CAD, est effectuée dans les chapitres suivants.

## Chapitre 3

# Champ de déformation pour tissus mous

3.1	Cadre méthodologique général .....	page 65
3.2	Niveaux de structuration .....	page 67
3.2.1	Relation entre les images .....	page 67
3.2.2	Les primitives .....	page 67
3.2.3	Champs de déformation proposés .....	page 68
3.3	Application aux mammographies .....	page 76
3.3.1	Caractéristiques et relation entre les images .....	page 76
3.3.2	Extraction des primitives .....	page 77
3.3.3	Recalage des mammographies .....	page 81
3.4	Evaluation des méthodes de recalage .....	page 90
3.4.1	L'évaluation du recalage dans la littérature .....	page 90
3.4.2	Evaluation des méthodes élaborées .....	page 92
3.5	Conclusions et observations en vue de l'analyse des images traitées .....	page 97



La finalité de cette étape de recalage est de déformer une image  $J$  pour que chaque entité physique qui la constitue ait la même position que sur une image  $I$  appelée image référence. Comme il n'est pas possible d'effectuer un recalage parfait en tous points, étant donné qu'une image médicale 2D est la projection d'une réalité 3D (deux points distincts sur un cliché peuvent être confondus sur un autre), nous cherchons la transformation permettant de minimiser la distance entre l'information contenue dans une image et sa correspondance anatomique sur l'autre image. L'évaluation des méthodes de recalage permettra, dans la perspective de l'analyse des images, de définir la taille d'un voisinage d'exploration fondé sur la distance moyenne séparant deux coordonnées qui représentent les mêmes tissus.

Comme nous l'avons souligné dans le chapitre précédent, le recalage peut être fondé sur l'extraction de primitives (recalage géométrique). Les méthodes de recalage géométrique sont robustes et présentent un bon compromis temps/précision, lorsque le nombre de primitives extraites est suffisant. Il faut prendre en compte les primitives les plus pertinentes, fondées sur l'anatomie même de l'organe à étudier, afin d'avoir une bonne robustesse d'extraction, et une localisation précise [Wir99]. Nous verrons dans ce chapitre comment structurer l'image à partir de ces primitives et comment une bonne combinaison de primitives permet d'améliorer les résultats.

Le choix des méthodes doit être guidé par le type de clichés étudiés, par l'analyse prévue après le recalage, ainsi que par la connaissance des déformations pouvant être subies par ce qui est observé sur le cliché. Nous nous plaçons dans le cadre du recalage de tissus mous, recalage ayant pour objectif l'analyse des tissus de différents organes et l'observation de leur évolution. L'objectif est de minimiser les différences dues à la prise du cliché et aux forces mécaniques imposées aux tissus en respectant autant que possible la morphologie et la taille des zones dont on veut suivre l'évolution. Il faut donc replacer les différentes macrostructures présentes dans l'image en modifiant le moins possible les textures internes de chacune. Une étape d'extraction des primitives anatomiques est nécessaire afin d'identifier les tissus présents. Les tissus observés étant déformables, le recalage proposé doit permettre d'effectuer un ensemble de déformations qui constitue le champ de déformation.

Pour satisfaire les contraintes de robustesse et de temps de calcul, les méthodes de recalage élaborées sont, soit des transformations rigides, soit une combinaison entre transformations rigides et transformations non rigides locales. Les transformations présentées dans ce chapitre reproduisent le mécanisme de la vision humaine qui effectue une observation pré-attentive, globale, avant d'étudier des détails de manière plus ciblée, et donc locale. Nous adoptons une approche en deux temps, une étape globale, suivie d'une étape plus fine.

Ces choix permettent d'atteindre un coût calculatoire plus faible qu'avec des transformations uniquement non-rigides et des méthodes iconiques. Le cadre méthodologique développé dans cette thèse découle des contraintes applicatives, l'élaboration d'un CAD (aide au diagnostic) d'analyse de tissus mous rapide et pertinent. Les méthodes élaborées seront évaluées sur des mammographies.

### 3.1 Cadre méthodologique général

Le recalage est traduit par une transformation, comme indiqué dans la définition (cf paragraphe 2.1.1), c'est l'application de la meilleure déformation possible pour un problème donné. Il faut donc pouvoir déterminer quel est ce « meilleur » choix. Pour ce faire, il est nécessaire d'adapter la transformation au type d'objet et au type de déformation que l'on va rencontrer dans une application donnée. En plus de la pertinence de la transformation choisie, il faut prendre en compte le coût calculatoire. Le recalage, bien qu'indispensable pour effectuer une comparaison, reste un pré-traitement, et doit donc minimiser au mieux les différences de positionnement des différentes structures formant les images, dans un temps aussi court que possible.

Les méthodes ont été élaborées dans un cadre méthodologique commun en montrant comment il est possible de les adapter au contexte applicatif (cf Fig.3.1). Elles sont inspirées des techniques employées par les praticiens pour se repérer dans une image médicale. Pour comparer deux clichés, l'expert, dans un premier temps, repère les points saillants de l'image puis compare les primitives mises en correspondance. Cela correspond à la vision pré-attentive humaine qui structure le contenu de l'image. Ensuite, l'expert se focalise sur un élément qui structure la portion d'image proche du point qu'il veut analyser, et l'observateur va retrouver cette primitive dans l'autre cliché, puis le point à analyser par rapport à sa position relative au point de repère. La vision du praticien va également compenser d'éventuelles déformations des tissus observés (prise en compte de déformations élastiques). Cela correspond à la vision attentive. L'évaluation des déformations nécessaires doit donc être basée sur l'analyse de la morphologie et sur la segmentation des organes et tissus visualisés, et non sur l'analyse de la texture des tissus. L'ensemble des déformations effectuées est appelé "champ de déformation".

Ce type d'approche permet d'appréhender rapidement les déformations nécessaires au recalage dans le cadre de la vision humaine et de construire un champ de déformation bien adapté au couple d'images. Un champ de déformation complexe agissant globalement puis localement peut ainsi être rapidement estimé.

Notre approche s'appuie fortement sur les différentes étapes du processus effectué par l'expert pour se repérer dans les images (cf Fig.3.1).

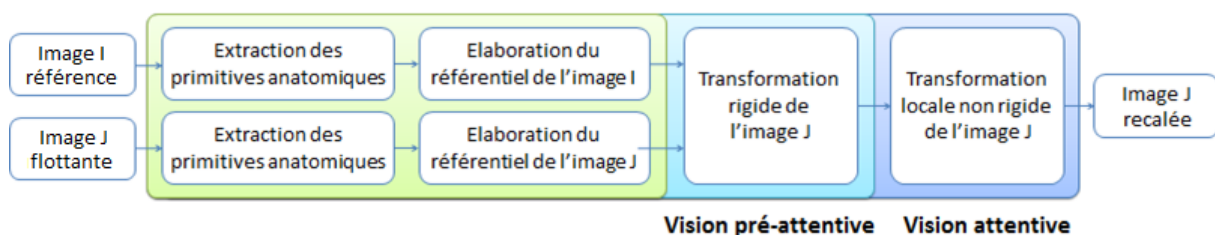


Figure 3.1 – Approche méthodologique

La problématique est alors d'élaborer un champ de déformation à partir de différentes primitives. Le champ de déformation produit doit prendre en compte les différences d'orientation, de position ou encore, dans notre cas particulier, l'aplatissement du sein, dues au processus de prise de vue.

Il est important de noter qu'une des limites du recalage d'images biomédicales 2D est l'effet de projection dû au passage du 3D au 2D lors de certaines acquisitions. Une image est la projection d'une réalité 3D, et deux points distincts sur un cliché peuvent être confondus sur une autre vue du même organe. Le problème, dans ce contexte se trouve donc être un problème mal posé. Il est impossible d'effectuer un recalage parfait sans introduire d'autres connaissances.

La dernière contrainte est de trouver un bon compromis temps/précision, pour que le temps de traitement global (recalage plus le traitement effectué sur les images recalées) ne soit pas excessif.

## 3.2 Niveaux de structuration

L'approche présentée dans cette section est développée dans le cadre méthodologique général. La méthode est conçue pour le recalage d'images médicales représentant des tissus mous. Ce paragraphe a pour but de montrer les différents niveaux de structuration possibles à partir des informations *a priori* sélectionnées. On entend par informations *a priori*, le type de déformation, les primitives anatomiques utilisées, ainsi que la manière de structurer le contenu de l'image à partir de ces points ou ensemble de points. Après un tour d'horizon des possibilités explorées (ci-dessous), la méthode sera contextualisée afin de s'adapter aux mammographies (section "3.3 - Application aux mammographies").

Les primitives et la manière dont ces dernières sont combinées, peuvent différer selon les applications. Certaines de ces primitives anatomiques sont ponctuelles, mais elles peuvent également se présenter sous la forme d'une courbe, d'un contour fermé, ou d'une surface. Ces primitives vont permettre d'élaborer un référentiel qui servira de support au recalage. L'image  $J$  subira des déformations plus ou moins complexes, déduites du référentiel élaboré à partir des primitives et étendues au reste de l'image pour simuler le plus efficacement possible les déformations élastiques subies.

Après avoir présenté les types d'images relevant de cette méthodologie, nous énumérons les différentes primitives utilisées. Ces dernières vont permettre de structurer l'information contenue dans les images et permettre d'appliquer un champ de déformation adapté.

### 3.2.1 Relation entre les images

Dans le cadre de l'imagerie médicale, un couple ou une série d'images, peut être mono ou multimodale, une suite temporelle ou une paire bilatérale (pour les organes présents par paires) et également de différentes dimensions (2D ou 3D pour les images médicales). La relation qui existe entre les images étudiées est centrale car elle va déterminer le type de méthode et la complexité du recalage. Un recalage multimodal d'une image 2D dans un volume en 3D, n'utilisera pas la même approche que le recalage entre 2 images 2D de même modalité. Pour cette présentation théorique, nous nous plaçons dans le cadre d'un recalage monomodal d'images médicales 2D.

### 3.2.2 Les primitives

Les primitives extraites sont des points ou ensembles de points représentant une même entité sur les deux images. Plus elles sont précises, pertinentes, nombreuses, et uniformément réparties sur toute la surface de l'image, meilleur sera le résultat obtenu.

Ces primitives peuvent être le cadre de l'image, un point ou un ensemble de points (nuage de points, ligne, courbe, surface). Il est évidemment préférable que ces points soient extraits des signaux à recalcr. Dans le cas d'un recalcr effectué sur des signaux de même dimension, un point sera mis en correspondance avec un point, une courbe avec une courbe, une surface avec une surface.

### 3.2.3 Champs de déformation proposés

Les primitives sélectionnées sont utilisées pour effectuer la transformation de l'image traitée. Le degré de dépendance de la transformation à certains éléments de l'image ainsi qu'une adaptation aux éléments présents dans l'image est très important. Les méthodes présentées ci-dessous ne sont pas créées pour une application particulière, mais doivent être choisies et adaptées aux primitives extraites, et surtout à leur nature, afin de montrer quelles améliorations peuvent être amenées par l'ajout ou la suppression d'un type de primitives. La complexité des champs de déformation qui sont déduits des choix de primitive, dans notre présentation, est croissante. Les processus sont basés soit sur une transformation globale, soit sur une transformation à deux niveaux, d'abord globale puis locale, modélisant d'abord une vision générale, puis un recalcr de détails plus fins. Les méthodes présentées dans cette section sont :

- La superposition (Id.),
- La translation naïve,
- Le recalcr linéaire,
- Le recalcr orienté,
- Le recalcr polaire.

Dans les différentes approches proposées ci-dessous, on note  $P_{tra}$ , le point de l'image  $J$  que l'on souhaite recalcr afin qu'il soit superposé au point  $P_{ref}$  sur l'image  $I$ . La méthode a pour objectif de déterminer quel point  $P_{ref}$  de l'image référence doit être mis en correspondance avec  $P_{tra}$ . Le point  $P_{tra}$  sera recalcr aux coordonnées de  $P_{rec} = t(P_{tra})$  dans l'image transformée  $t(J)$ .

## Vision globale

### Superposition

La superposition brute des images consiste à considérer le cadre des images comme un repère pertinent du contenu des images. Le cadre de l'image est utilisé comme structure

extrinsèque. Aucune primitive n'est nécessaire. A tout point  $P_{tra}(x,y)$  de l'image J, on applique la transformation Id. La moindre différence de cadrage ou de position de l'objet observé ne sera pas minimisée. Cette méthode n'est que très rarement suffisante.

## Translation naïve

La translation naïve  $tn$  consiste à considérer un point de référence dans les images et à se référer au bord de l'image. La structuration est liée à un point intrinsèque à l'image et au cadre de l'image (extrinsèque).

Une seule primitive est ici utilisée : un point sur chaque image ciblant le même objet. Ces points  $O$  et  $O'$  sont mis en correspondance.  $O$  et  $O'$  peuvent être extrinsèques ou intrinsèques. Le référentiel utilisé quant à lui est extrinsèque et correspond à l'orientation des images étudiées. Pour les deux images, le repère est celui des pixels de l'image (une coordonnée  $x$  représentant une ligne de pixels, et une coordonnée  $y$ , une colonne). Il n'y a pas de rotation des images pour les réaligner. Tout point  $P_{tra}$  de l'image J va subir une translation, telle que :

$$\overrightarrow{P_{tra}P_{rec}} = \overrightarrow{OO'}$$

Le champ de déformation est uniforme mais rarement satisfaisant. Néanmoins cette approche permet de comparer les résultats avec ceux obtenus par les autres méthodes (cf Fig. 3.2).

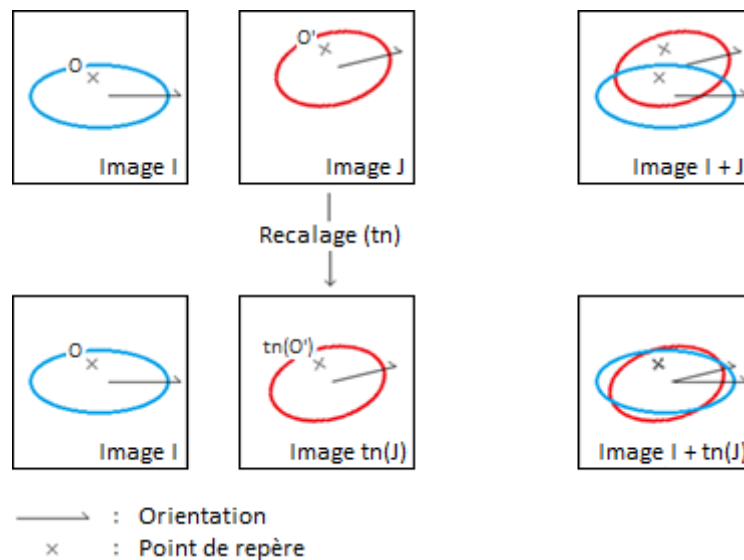


Figure 3.2 –Translation naïve

## Vision à deux niveaux

### Recalage linéaire

Afin d'élaborer une approche donnant un résultat plus fin, il faut estimer le champ de déformation à appliquer à partir d'un ensemble de primitives plus riche. Dans ce cas nous considérons comme éléments extraits un point, une courbe et une orientation. Le point ou la courbe est intrinsèque à l'image étudiée. L'orientation fondée sur le cadrage des clichés est extrinsèque.

La déformation globale repose sur la définition d'un point d'origine  $O$ , permettant de recadrer le contenu de l'image et d'une direction privilégiée liée à la nature de l'organe étudié, permettant de réorienter l'image (cf Fig 3.5). Un premier recalage global est limité à une translation permettant de faire coïncider les centres des deux images (translation naïve  $tn$ ). Ce recalage est rigide. La seconde étape est un recalage non rigide  $r_1$ . Pour effectuer cette étape du recalage géométrique, une primitive plus complexe est utilisée. Cette information supplémentaire va permettre d'élaborer la transformation à partir d'un contexte plus riche. Un contour, qu'il soit ouvert ou fermé, est nécessaire à cette étape. Evidemment cette courbe ne doit pas être trop complexe.

Le référentiel utilisé est le cadre de l'image. Sur l'ensemble de l'image les pixels ne pourront être recalés que suivant une direction fondée sur le cadre de l'image. Chacune des droites parallèles orientées dans la direction sélectionnée va être étirée ou compressée afin de s'ajuster au nouveau contour dans lequel on souhaite recalculer l'image (cf Fig 3.3).

Dans le cas où  $P_{tra}$  est à l'intérieur d'un contour fermé (cf Fig 3.3), on effectue un recalage linéaire suivant la direction choisie. La position le long du segment traité sera donnée par celle du point  $P_{rec}$  de mêmes coordonnées barycentriques sur  $[C_{rec}C'_{rec}]$  que  $P_{tra}$  sur  $[C_{tra}C'_{tra}]$  :

$$\frac{C_{rec}P_{rec}}{C_{rec}C'_{rec}} = \frac{C_{tra}P_{tra}}{C_{tra}C'_{tra}}$$

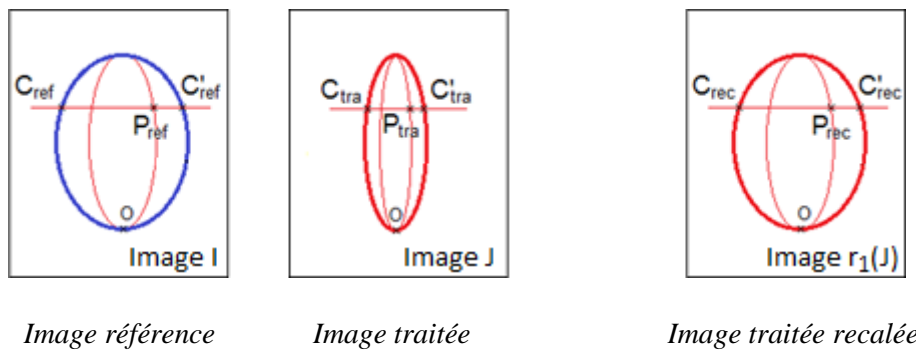


Figure 3.3 – Seconde étape du recalage linéaire avec un contour fermé (direction choisie : direction horizontale)

Si le contour est un contour ouvert (cf Fig 3.4), on reporte alors la distance entre le point traité et le contour extrait. Pour un point  $P_{tra}$ , et  $C_{tra}$ , point où le contour coupe la droite passant par  $P_{tra}$  suivant l'orientation choisie, le point  $P_{rec}$  est défini comme suit :

$$\overrightarrow{P_{tra}C_{tra}} = \overrightarrow{P_{rec}C_{rec}}$$

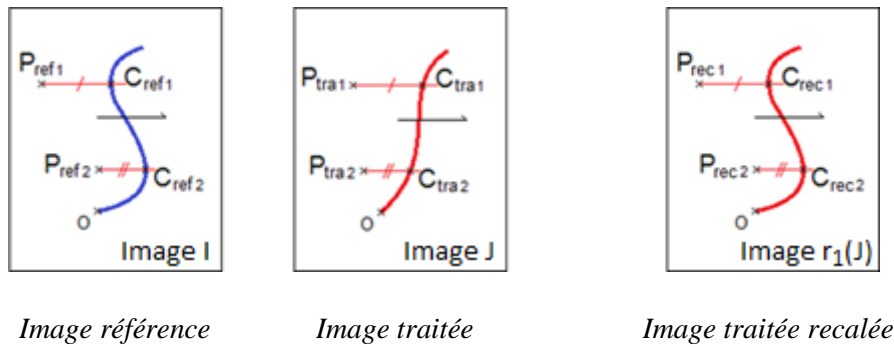


Figure 3.4 – Seconde étape du recalage linéaire avec un contour ouvert  
(direction choisie : direction horizontale)

Le point traité  $P_{tra}$  est ainsi recalé en  $P_{rec}$  dans l'image traitée, point qui a les mêmes coordonnées que le point  $P_{ref}$  dans l'image référence.

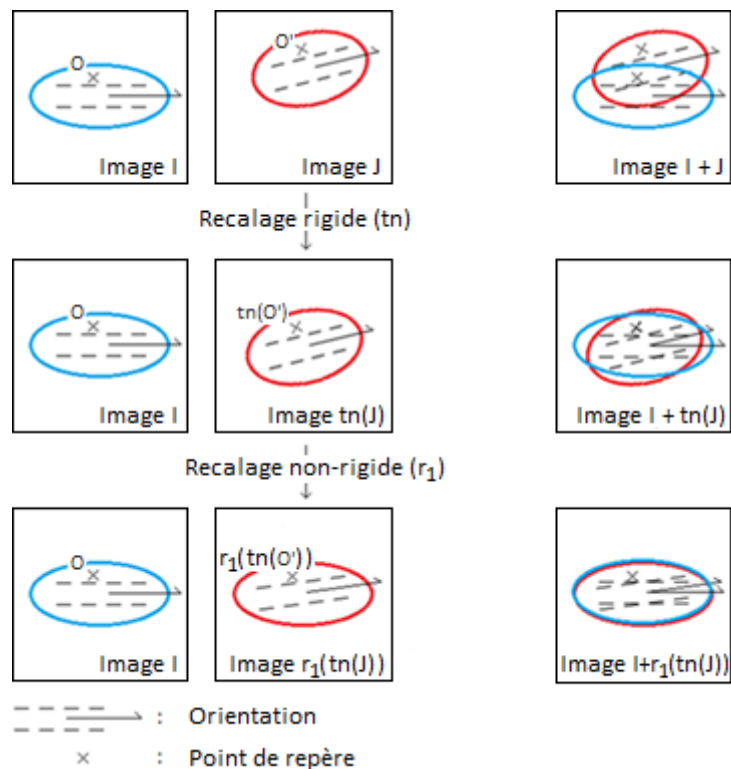


Figure 3.5 – Etapes du recalage linéaire horizontal



Le principal avantage de cette méthode est qu'elle effectue une meilleure mise en correspondance des contours de la forme étudiée, c'est à dire de l'élément structurant l'image. Cependant, les méthodes de recalage exposées jusqu'ici, ont pour principal défaut d'être fondées sur l'orientation du cadre de l'image, alors que le cadrage des tissus observés peut varier entre les deux clichés. Le cadre d'une image est une primitive que le système visuel humain utilise naturellement pour se repérer dans une image, mais celle-ci semble peu pertinente dans le cadre d'un recalage dès que la position de l'objet observé change par rapport à l'appareil de prise de vue. Une analyse plus fine de l'orientation de l'élément observé permettra d'inclure davantage d'informations *a priori*, et ainsi, d'être indépendant du cadrage du cliché. Les éléments de structuration choisis ci-dessous, ont été considérés pour pallier ce défaut, en améliorant l'orientation utilisée.

## Recalage orienté

Cette méthode est fondée sur l'estimation de l'orientation de l'objet étudié. La structuration est alors totalement intrinsèque à l'image. Il s'agit de réaliser dans un premier temps une déformation rigide  $t$  en constituant de manière classique des repères orthogonaux dans chaque image.

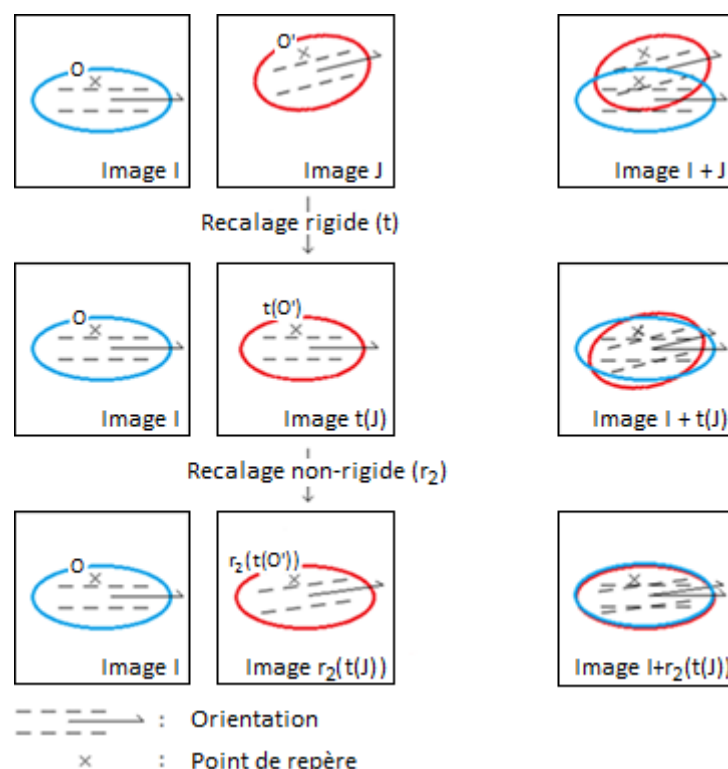


Figure 3.6 – Etapes du recalage orienté

Une origine et une orientation intrinsèques à l'image caractérisent ces repères. L'origine est un point saillant présent sur les deux clichés, l'orientation est celle de l'objet observé. Les images sont mises en correspondance par une translation (superposition des origines, translation naïve) et une rotation suivant les orientations extraites. Cette transformation  $t$  constitue le recalage pré-attentif du cliché. Le référentiel élaboré sera alors intrinsèque au tissu observé.

Le recalage non-rigide  $r_2$ , simulant l'affinement apporté par la vision attentive, est ensuite linéaire comme dans le cas du recalage linéaire (voir ci-dessus), à ceci près que l'orientation n'est pas extraite du cadre de l'image, mais de l'objet observé. Ce choix permet d'effectuer un étirement ou une compression en suivant l'orientation de la structure étudiée (cf Fig 3.6).

## Recalage polaire

Le recalage polaire repose sur une autre hypothèse de la structuration de l'objet que celle vue précédemment. La structure est modélisée de manière radiale à partir des primitives. Cela permet de simuler une déformation différente sur l'ensemble de l'objet.

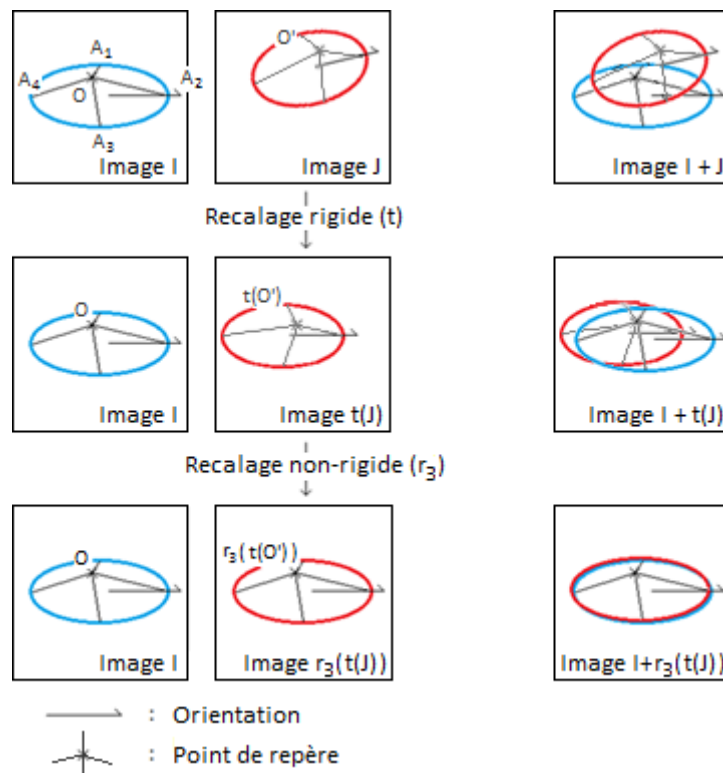


Figure 3.7 – Etapes du recalage polaire

La phase pré-attentive rigide est la même transformation  $t$  que celle décrite dans la structuration précédente. Pour le recalage localement non-rigide  $r_3$ , un point de repère et un contour fermé sont nécessaires. Le recalage s'effectue de façon radiale autour d'un point  $O$ , inclus dans le contour fermé. Tout segment passant par le point de repère fixe  $O$  et un point  $A_i$  du contour fermé sera mis en correspondance avec le segment de même orientation sur l'autre cliché. Le segment traité sera ensuite étiré ou comprimé pour avoir la même taille et les mêmes extrémités que sur le cliché qui nous sert de référence (cf Fig.3.7). L'objet va donc être comprimé ou étiré à partir de l'origine du repère suivant des directions irradiant de  $O$  jusqu'à ce que les contours de l'objet segmenté sur les deux clichés aient la même forme et la même position.

Ces méthodes produisent des champs de déformation qui visent à gommer les différences de prise de vue et d'étirement (ou compression) subies par l'objet. Le choix du nombre et du type des primitives ainsi que le choix du type de champ de déformation utilisé doit être guidé par le type d'objet analysé, et par l'analyse qui en sera faite par la suite.

## Récapitulatif des méthodes présentées

Nous récapitulons dans cette partie les primitives extraites et les étapes des différentes méthodes exposées ainsi que les champs de déformation produits.

Méthode	Primitives	I	E	Référentiel	I	E	Transformation globale	Transformation locale
Superposition	Coin supérieur gauche de l'image $O$		X	Cadre de l'image		X	-	-
Translation naïve	Un point $O$	X		Origine : point $O$ + Cadre de l'image		X	Translation	-
Linéaire	Un point $O$ + un contour	X		Origine : point $O$ + Cadre de l'image		X	Translation	Déformation linéaire suivant une direction fixe
Orienté	Un point $O$ + une orientation + un contour	X		Origine : point $O$ + Orientation extraite	X		Translation + Rotation	Déformation linéaire suivant une direction fixe
Polaire	Un point $O$ + une orientation + un contour	X		Origine : point $O$ + Orientation extraite	X		Translation + Rotation	Déformation linéaire radiale

$I$  : primitives intrinsèques

$E$  : primitives extrinsèques

Tableau 3.1 – Récapitulatif des méthodes présentées

Le tableau 3.1 fait ressortir deux classes de méthodes, d'une part les méthodes ayant peu de primitives intrinsèques au contenu de l'image (superposition, translation naïve et linéaire), et d'autre part les méthodes qui se fondent uniquement sur les données internes à l'objet (recalage orienté et polaire).

Dans la section suivante, ces transformations vont être adaptées à notre contexte applicatif : les mammographies. Différentes primitives vont être extraites et combinées. Les résultats obtenus seront comparés et discutés afin d'établir la pertinence et le degré de fiabilité de chacune des primitives.

### 3.3 Application aux mammographies

Dans cette section, les méthodes présentées ci-dessus vont être utilisées dans un cadre applicatif précis. L'objectif pratique de ces recherches est l'analyse de dossiers contenant plusieurs mammographies. Chaque tissu constituant le sein doit occuper le même espace sur chaque image pour être analysé de manière automatique. Il faut aligner les différentes structures du sein (cf Fig.3.8).

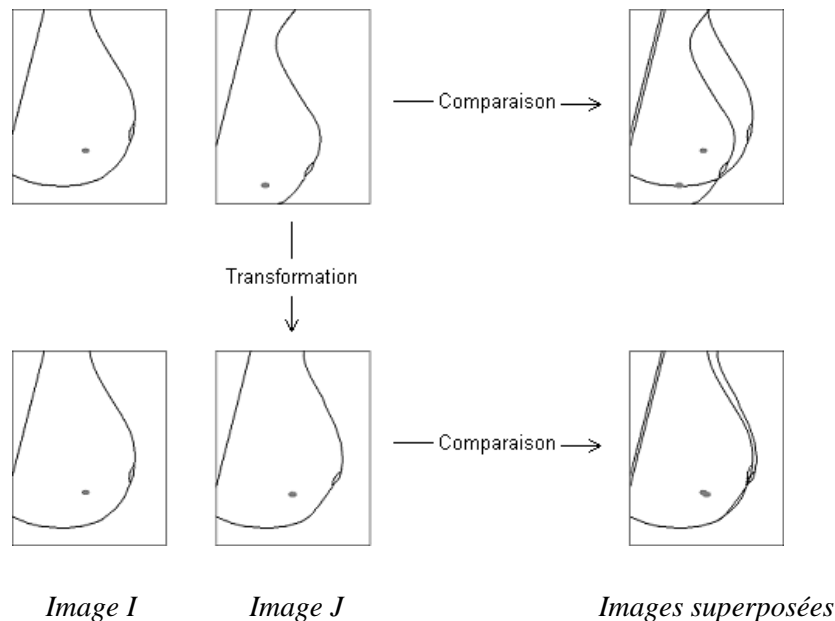


Figure 3.8 – Alignement des tissus mammaires en vue d'une analyse conjointe

Comme il a été mis en avant dans la section 3.2, les points importants à déterminer sont :

- Quelles relations lient les images étudiées ?
- Quelles primitives vont être utilisées ?
- Quel champ de déformation va être appliqué ?

Ces trois points sont développés dans les sections 3.3.1 à 3.3.3 ci-après.

Après avoir exposé certaines spécificités de l'application traitée et des mammographies en général, différents choix seront proposés, pour le choix des primitives et des déformations, afin de proposer une méthode robuste, pertinente et rapidement exécutable.

#### 3.3.1 Caractéristiques et relation entre les images

Dans le cadre applicatif étudié, les images traitées sont des mammographies, en vue oblique. Les images recalées sont issues d'un même dossier patient. Cette série d'images peut

constituer une suite temporelle d'un même sein, dans le cadre du suivi d'une patiente, ou une image du sein droit et une du sein gauche, afin de comparer les tissus (cf Fig.3.9).

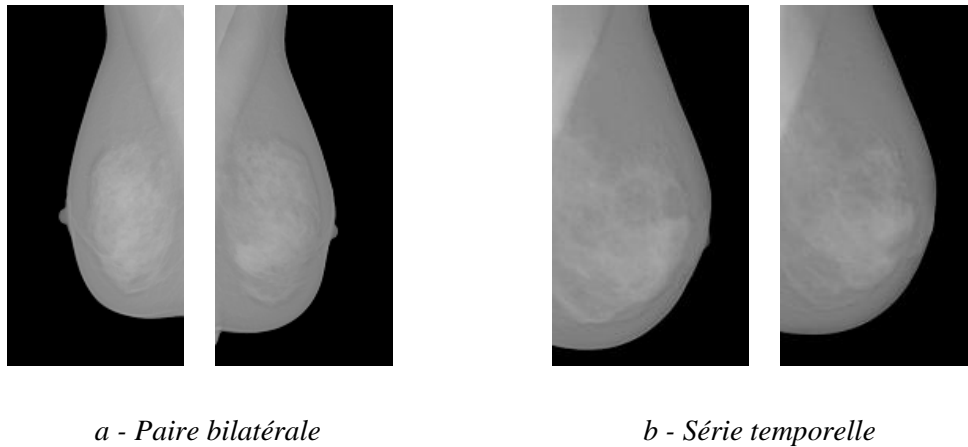


Figure 3.9 – Différentes relations intra-patiente

Le cliché représente des tissus élastiques, comprimés pour l'examen. Les différences de pressions ou de positionnement du sein au moment de la prise du cliché doivent être réduites lors du recalage, sans pour autant modifier la structure interne du sein. Il faut déplacer les tissus, simuler la transformation inverse à l'aplatissement sur l'image et non les déformer, pour éviter de trop modifier ce que l'on cherche à observer.

L'analyse effectuée dans le cadre de l'étude d'un dossier de mammographies est un recalage intra-anatomique monomodal. Cela consiste à rechercher une transformation liant deux images de la même anatomie, acquises dans une même modalité. Ce type de recalage permet de suivre la déformation mécanique d'organes [Lor02] ou l'évolution d'une pathologie [Rey99], bien que ces déformations ne soient pas toujours séparables.

L'étude de l'état de l'art, les observations effectuées sur les clichés, ainsi que les discussions effectuées avec des radiologues expérimentés, nous ont conduit à effectuer les choix exposés ci-dessous.

### 3.3.2 Extraction de primitives

La phase d'extraction des primitives est cruciale. Les primitives doivent être suffisamment nombreuses afin de retranscrire l'ensemble des déformations locales, et d'extraction robuste, car toute imprécision dans le positionnement des points extraits impactera directement la qualité du recalage. Il faut donc obtenir un maximum de points, sans pour autant inclure des points de repère dont la détection est peu précise ou peu robuste. La répartition des primitives n'est donc pas l'unique critère.

L'extraction et la mise en correspondance des points de la structure interne du sein peuvent être effectuées à l'aide d'un descripteur de points (comme le SIFT). De tels descripteurs sont peu fiables compte-tenu de la variabilité des tissus du corps humain dans le temps ou de la dissymétrie naturelle du corps.

Dans le cadre du recalage de mammographies, d'après [Wir99], les repères anatomiques visibles, tels que le contour du sein, le mamelon, ou encore le muscle pectoral, sont les éléments de repère dont la détection est robuste, nous utiliserons donc ces primitives (cf Fig.3.10). Plus le nombre de points de repère anatomiques est élevé, et plus leur détection est fiable, meilleur sera le recalage.

Chaque extraction de points de repère anatomiques utilise des méthodes différentes, donnant un taux de bonne extraction différent pour chacune de ces primitives. L'intérêt de chaque point de repère anatomique dans le cadre du recalage, varie en fonction de sa position et de sa taille. Il faut donc prendre en compte l'intérêt de chaque point de repère anatomique et la fiabilité de son extraction.

Ainsi le contour du sein, le mamelon, le muscle pectoral sont des repères fiables et utilisables sur des séries temporelles et des couples bilatéraux [Wir99]. D'autres primitives anatomiques, comme le tissu fibro-glandulaire, le système vasculaire et les canaux lactifères, sont plus complexes à extraire et ne sont pas utilisables dans les couples bilatéraux à cause de la dissymétrie naturelle du corps humain.

L'ensemble des structures recherchées dans nos travaux fait partie des points devant être présents sur une mammographie pour répondre au critère de qualité établi dans le monde médical. L'étude effectuée est axée sur le choix des primitives utilisées et sur les méthodes permettant de structurer l'information autour de ces points de repère. Les méthodes d'extraction découlent de l'étude des processus d'expertise utilisés par les médecins.

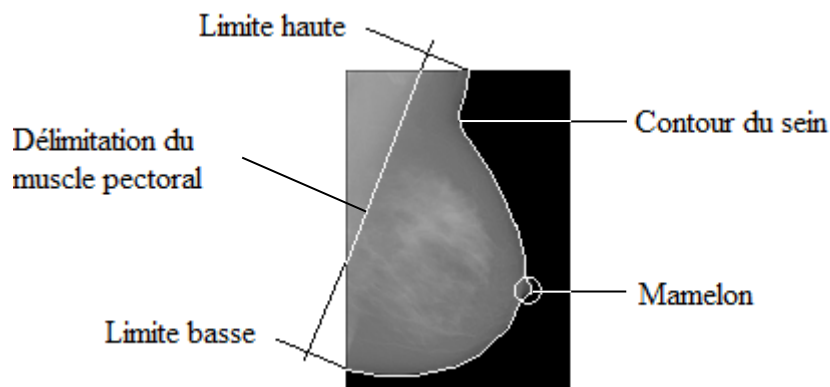


Figure 3.10 – Primitives anatomiques extraites

## Contour du sein

Le contour du sein est extrait grâce à un seuillage des niveaux de gris, la délimitation obtenue est ensuite lissée. Ce processus n'est pas davantage détaillé dans cette thèse car il a été développé par la Société Fenics, qui en est propriétaire.

## Mamelon

Le mamelon est détecté après une étape d'apprentissage. Des caractéristiques telles que les niveaux de gris le constituant, sa position dans l'image ou encore la forme du contour à son voisinage, sont apprises pour localiser le mamelon le long du contour du sein, par un processus de Random Forest [Bre01]. Ce point a une réelle importance pour le contour. Il permet d'obtenir un point « d'ancrage » commun permettant de savoir comment positionner le contour du sein. Tout comme la délimitation du contour de sein, cette méthode a été développée par la Société Fenics, qui en est propriétaire.

## Muscle pectoral

Pour la détection du muscle pectoral, la délimitation entre ce dernier et le sein peut être initialisée par un segment de droite détecté en utilisant une transformée de Hough [Hou62, Fer00].

Deux méthodes de détection ont été mises au point. La première est fondée sur l'utilisation de contours actifs. Le contour est initialisé en utilisant la position moyenne de la délimitation muscle pectoral/sein sur 100 clichés. La délimitation initiale est itérativement transformée afin de minimiser deux énergies ; l'énergie interne, visant à lisser le contour, et l'énergie externe, basée sur la log-vraisemblance de l'aire du muscle pectoral ainsi que des intensités lumineuses qui le composent, permettant de séparer le muscle, zone plus claire sur l'image, du reste du sein [Bou09].

Une autre méthode possible consiste à rechercher des points voisins de l'initialisation, qui seront jugés comme meilleurs représentants de la délimitation grâce à un apprentissage effectué sur des contours annotés manuellement. Cet apprentissage est fondé sur les niveaux de gris et la forme du contour (propriété de Fenics). Une contrainte d'élasticité permet de conserver une certaine régularité au contour extrait. Cette approche offre un résultat plus proche des annotations humaines (voir évaluation de l'extraction des primitives à la fin de cette section) et est donc utilisée dans notre méthode.

## Limite haute / Limite basse

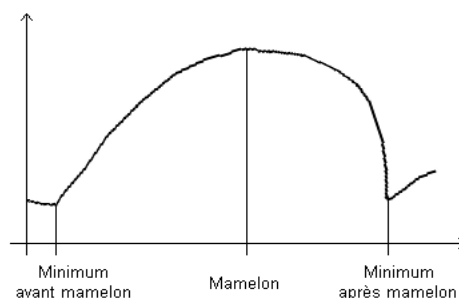


Figure 3.11 – Contour extrait, l'axe des abscisses est la droite frontière entre le muscle pectoral et le sein



Comme l'information pertinente est située dans le sein, nous allons localiser le haut et le bas du sein. Pour cela, la courbure du contour du sein est étudiée. Le contour est placé dans un repère orthonormé dont l'axe des abscisses est la droite délimitant le sein et le muscle pectoral (cf Fig 3.11). Dans ce nouveau repère, la limite du haut est le minimum local du contour du sein avant le mamelon, la limite du bas est le minimum local sur cette même courbe après le mamelon.

D'après les critères de qualité fixés par les praticiens définissant une mammographie, ces points doivent être dans le cadre du cliché. Contrairement aux autres primitives, les limites haute ou basse du sein se retrouvent parfois hors cadre.

Dans le cas où ils ne seraient pas visibles, la limite basse du sein serait alors le point le plus bas du sein sur le cliché. La limite haute du sein  $H_n$ , serait le point le plus haut sur le contour tel que la distance entre ce point et la frontière sein/muscle pectoral soit égale sur les deux clichés. Pour cela, nous prenons le plus grand des segments  $H_n$ , puis nous cherchons sur l'autre cliché le segment  $H'_n$  de même longueur (cf Fig 3.12 et équation (3.1)).

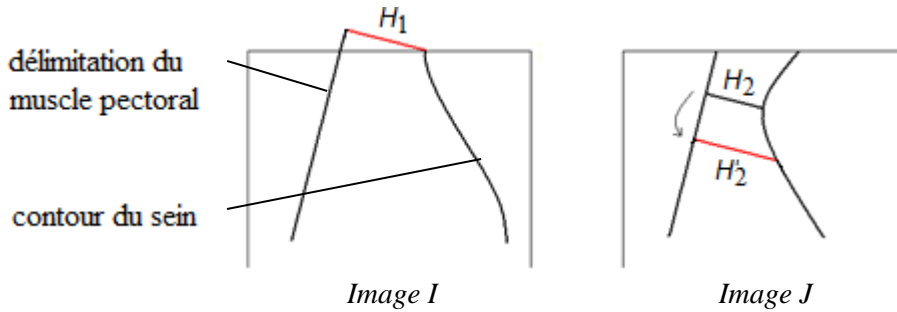


Figure 3.12 – Choix des bornes minimums pour qu'elles aient la même longueur

Soit deux mammographies I et J,  $\Omega_I$  et  $\Omega_J$ , les ensembles des segments S perpendiculaires à la frontière du muscle pectoral, compris entre la limite haute du sein et la perpendiculaire passant par le mamelon. Le choix des limites hautes est conditionné par leur longueur telle que :

$S_1$  est choisi tel que

$$|H_1| = \max \{ \min_{\Omega_I}(|S_I|), \min_{\Omega_J}(|S_J|) \} \text{ avec } S_I \in \Omega_I \text{ et } S_J \in \Omega_J$$

$S_2$  est choisi tel que :

$$\begin{aligned} \text{si } |H_1| &= \min_{\Omega_I}(|S_I|) \\ |H_2| &= |H_1| \quad (H_2 \in \Omega_J) \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \text{si } |H_1| &= \min_{\Omega_J}(|S_J|) \\ |H_2| &= |H_1| \quad (H_2 \in \Omega_I) \end{aligned}$$

(3.1)

## Evaluation de l'extraction des primitives anatomiques

L'extraction de ces primitives a été évaluée sur une base de mammographies annotées par un expert. Les résultats obtenus grâce aux méthodes présentées ci-dessus sont comparés aux annotations effectuées par l'expert.

Le contour du sein est parfaitement extrait sur toutes les images (jamais plus de 1mm d'écart entre le résultat et la vérité terrain sur une base de 100 mammographies).

Le mamelon est localisé avec moins de 1cm d'erreur dans plus de 98 % des cas (évaluation effectuée sur 800 clichés).

L'évaluation de la frontière du muscle pectoral est effectuée en comparant les résultats fournis par notre méthode et les délimitations tracées par un expert. Le rapport intersection / union des aires des surfaces du muscle fournies par un expert et par notre méthode doit être supérieur à 0,8 pour que le résultat soit validé. Avec cette évaluation, la méthode basée sur la log-vraisemblance donne 91% d'extractions réussies, la méthode basée sur l'apprentissage donne 95% de bons résultats (évaluation effectuée sur 100 clichés).

Nous utilisons les primitives extraites du cliché afin de créer différents repères permettant de structurer l'ensemble de l'image, comme l'illustre la figure 3.13. Dans ces nouveaux repères, deux points de mêmes coordonnées représenteront deux points comparables sur les deux clichés recalés.

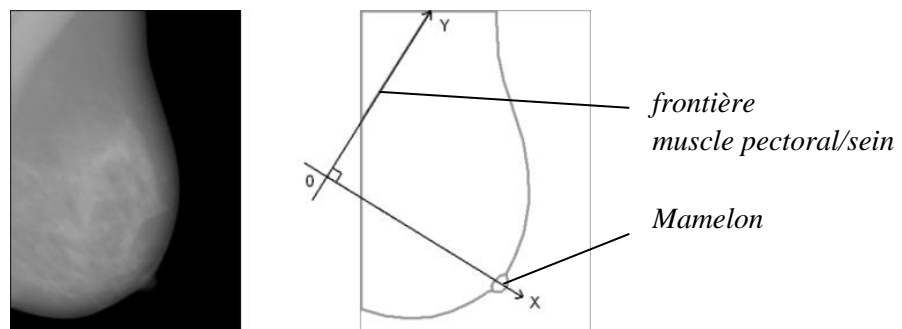


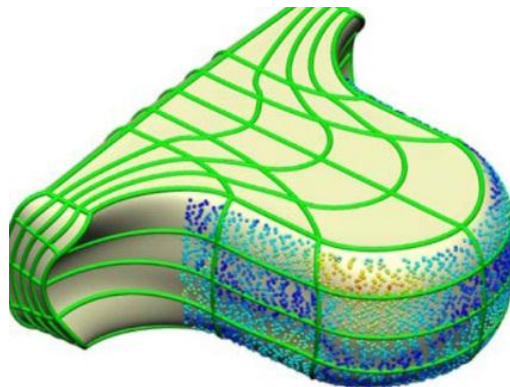
Figure 3.13 – Exemple d'un repère structurant la mammographie à partir des primitives extraites

### 3.3.3 Recalage des mammographies

Les méthodes présentées dans la section 3.2 vont ici être contextualisées afin d'effectuer le recalage de mammographies.

Dans le cadre des mammographies, certaines contraintes se posent, comme la physique des tissus ou encore la déformation subie pendant l'examen. Les travaux effectués dans

[Chu08] ont permis de modéliser la physique interne des tissus mammaires. La figure 3.14 est extraite de ces travaux.



*Figure 3.14 – Modèle physique d'un sein subissant une compression mediolatérale. Le modèle de compression, et les différents points ayant permis son élaboration sont données dans [Chu08]*

Cette modélisation de la physique du sein est très proche des méthodes de recalage orienté et polaire, que nous avons élaborées dans la section précédente. Les tissus proches du muscle pectoral se déforment de manière linéaire, ce qui est approximé par le recalage orienté. La physique des tissus proches du contour du sein s'apparente au modèle polaire. Afin de vérifier cette hypothèse, l'ensemble des méthodes élaborées dans la section précédente vont être évaluées dans le cadre applicatif de la mammographie. Pour chacune des méthodes développées dans la partie 3.2, nous présentons les adaptations dues au contexte des mammographies :

- La translation naïve, déformation simple donne une base de comparaison avec les résultats obtenus à l'aide des autres méthodes,
- Le recalage linéaire horizontal inclut une déformation locale non-rigide,
- Le recalage orienté simule l'aplatissement du sein de manière continue et orientée,
- Le recalage polaire utilise un autre référentiel structurant le sein à partir des primitives anatomiques.

Ces méthodes produisent des champs de déformation différents qui visent à simuler l'aplatissement du sein lors de l'examen et à reproduire les techniques qui permettent aux experts de se repérer dans de tels clichés.

Nous récapitulons dans cette partie les primitives extraites et les étapes des différentes méthodes présentées dans cette section avant de les détailler (Tableau 3.2).

Méthode	Primitives anatomiques	I	E	Référentiel	I	E	Transformation globale	Transformation locale
Translation naïve	Mamelon	X		Cadre de l'image		X	Translation	-
Linéaire horizontal	Mamelon Muscle pectoral Contour du sein	X		Cadre de l'image		X	Translation	Déformation linéaire horizontale
Orienté	Mamelon Muscle pectoral Contour du sein	X		Basé sur le muscle pectoral et le mamelon	X		Translation + Rotation	Déformation linéaire suivant l'orientation du sein
Polaire	Mamelon Muscle pectoral Contour du sein	X		Basé sur le muscle pectoral et le mamelon	X		Translation + Rotation	Déformation linéaire polaire

*I* : primitives intrinsèques

*E* : primitives extrinsèques

Tableau 3.2 – Récapitulatif des méthodes présentées

## Translation naïve

La première idée est d'utiliser le point de repère fondamental pour les experts pour s'orienter dans la texture interne du sein, dans le cadre d'une mammographie, le mamelon. Nous utiliserons la transformation la plus simple, la translation (cf Fig.3.15). L'image est structurée à l'aide d'un repère cartésien  $(O, \vec{i}, \vec{j})$ , avec  $\vec{i}$ , ayant pour direction l'horizontale du cliché, et  $\vec{j}$ , la verticale. L'image traitée est translatée, dans le but de superposer le point de repère de cette image et de l'image référence. Les distances entre tissus comparables sont alors faibles dans le voisinage de ce point. Plus on s'éloigne, moins la mise en correspondance est fiable. Certains points du sein contenus dans l'image traitée peuvent même être recalés en dehors du sein de l'image référence.

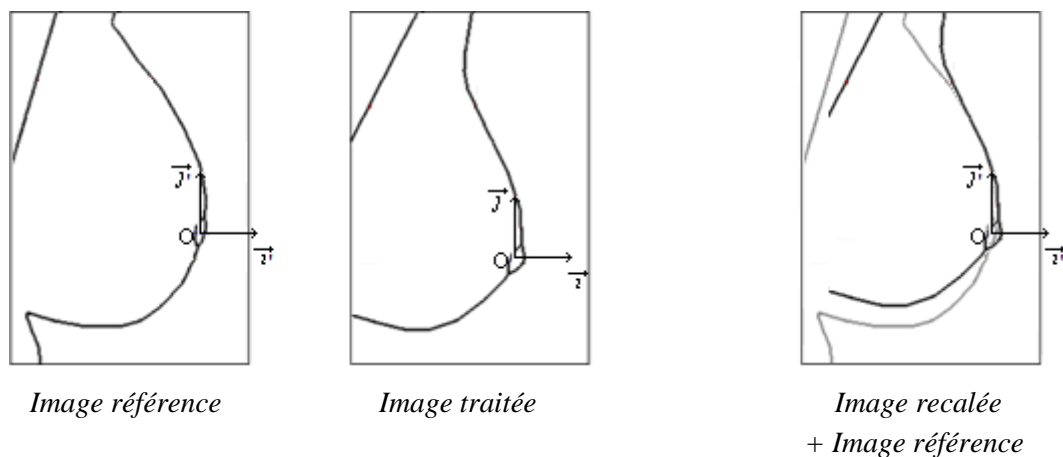


Figure 3.15 – Recalage par translation naïve

Cette méthode, très simple et très rapide, est uniquement utilisée ici comme base de traitement et de comparaison des résultats. Le champ de déformation produit est très rigide et donc peu adapté au recalage de tissus mous (cf Fig 3.22).

## Recalage linéaire horizontal

Dans le cadre de mammographies, cette méthode de recalage utilise le mamelon, le muscle pectoral, ainsi que le contour du sein. Ces primitives anatomiques servent de points de repère pour le recalage. Le mamelon permet d'effectuer un recalage rigide, puis le contour du sein et le muscle pectoral sont utilisés comme contours de référence pour la partie non-rigide du recalage (cf Fig 3.16). Le champ de déformation produit est alors plus complexe que celui associé à la translation naïve, comme l'illustre la figure 3.22.

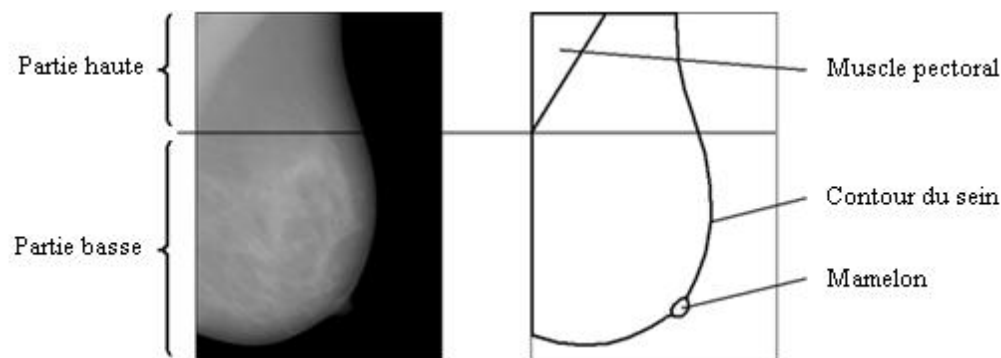


Figure 3.16 – Primitives et leur zone d'influence

Cette méthode est fondée sur un recalage global rigide suivi d'un recalage local, permettant d'obtenir une transformation plus complexe et un recalage plus fin. Le recalage global est une translation du cliché traité afin que les mamelons aient les mêmes coordonnées (translation naïve).

La seconde partie du recalage est une déformation linéaire sur chaque horizontale. Le référentiel utilisé est le cadre de l'image. Pour cette étape, le contour du sein et le muscle pectoral sont utilisés. Soit un point  $P$ , le point à recaler sur l'image traitée après l'étape de recalage global.  $D$  est alors la droite horizontale passant par  $P$ . Cette droite  $D$  coupe le contour du sein en  $C$  et la délimitation du muscle pectoral en  $M$  (Fig.3.16). Il existe toujours au moins un point  $C$  pour tout point du sein sur le cliché,  $M$  n'existe que dans la partie haute de l'image (cf Fig.3.16).

La méthode a pour objectif de déterminer quel point  $P_{rec}$  correspond à  $P_{tra}$ . L'ordonnée des points n'est pas modifiée durant cette étape,  $(P_{rec})_y = (P_{tra})_y$ .

Pour l'abscisse, dans le cas où  $P_{tra}$  se situe dans la partie haute de l'image, on effectue un recalage linéaire. La position en  $x$  sera donnée par celle du point  $P_{rec}$  de mêmes coordonnées barycentriques sur  $[M_{rec}C_{rec}]$  que  $P_{tra}$  sur  $[M_{tra}C_{tra}]$  (cf Fig. 3.17) soit tel que :

$$\frac{M_{rec}P_{rec}}{M_{rec}C_{rec}} = \frac{M_{tra}P_{tra}}{M_{tra}C_{tra}} \quad (3.2)$$

Si le point  $P_{tra}$  se situe dans la partie basse de l'image, l'abscisse du point  $P_{rec}$  mis en correspondance avec  $P_{tra}$  est définie par :

$$\overrightarrow{P_{rec}C_{rec}} = \overrightarrow{P_{tra}C_{tra}} \quad (3.3)$$

Le point traité  $P_{tra}$  est ainsi recalé en  $P_{rec}$  dans l'image traitée, point qui a les mêmes coordonnées que le point  $P_{ref}$  dans l'image référence (cf Fig.3.17).

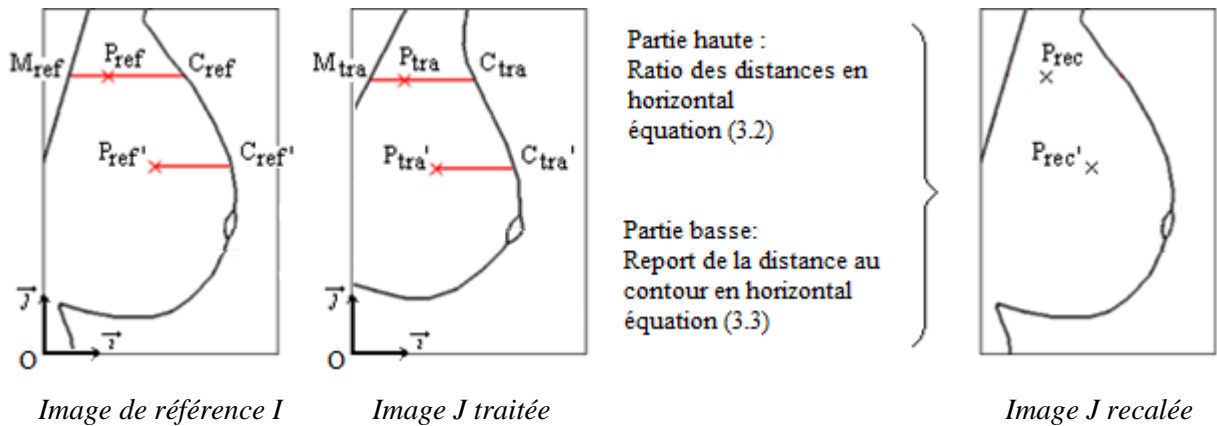


Figure 3.17 – Seconde étape du recalage linéaire horizontal  
( $P_{tra}$  : point traité,  $P_{ref}$  : point référence,  $P_{rec}$  : point recalé)

Les points de repère les plus utilisés par les experts sont inclus dans le processus, le rendant plus pertinent. Tous les points du sein traité sont mis en correspondance avec un point appartenant au sein référent. Cette méthode a néanmoins le défaut de ne pas proposer une déformation continue puisque le haut et le bas du sein sont traités différemment. De plus, les deux méthodes de recalage, exposées ci-dessus, sont fondées sur les orientations du cadre de l'image, qui n'est pas une primitive anatomique. Les méthodes de recalage suivantes permettant de pallier ces défauts, en utilisant des éléments intrinsèques au sein.

## Recalage orienté

Dans le cadre de l'application d'une méthode de recalage sur des mammographies, les primitives extraites sont le mamelon, le contour du sein (contour, limite haute et limite basse

du sein) et la frontière muscle pectoral/sein. Le mamelon est utilisé comme origine de repère  $O$ . L'orientation des deux axes principaux du référentiel utilisé sont la simplification de la frontière entre le muscle pectoral et le sein ( $P$ ), et la perpendiculaire qui passe par le mamelon ( $D_M$ ). La structure obtenue est un repère cartésien  $(O, \vec{i}, \vec{j})$ , avec  $\vec{i}$ , ayant comme direction l'orientation du sein, et  $\vec{j}$ , la direction de la délimitation muscle pectoral / sein comme illustré dans la figure 3.18.

L'ensemble des  $n$  droites qui suivent cette orientation sont notées  $(D_{tra}\{i\})$  dans l'image traitée, et  $(D_{ref}\{i\})$  dans l'image référence. Les segments inclus dans les droites  $D$ , et recouvrant le sein, sont respectivement notés  $[S_{tra}]$  et  $[S_{ref}]$ .

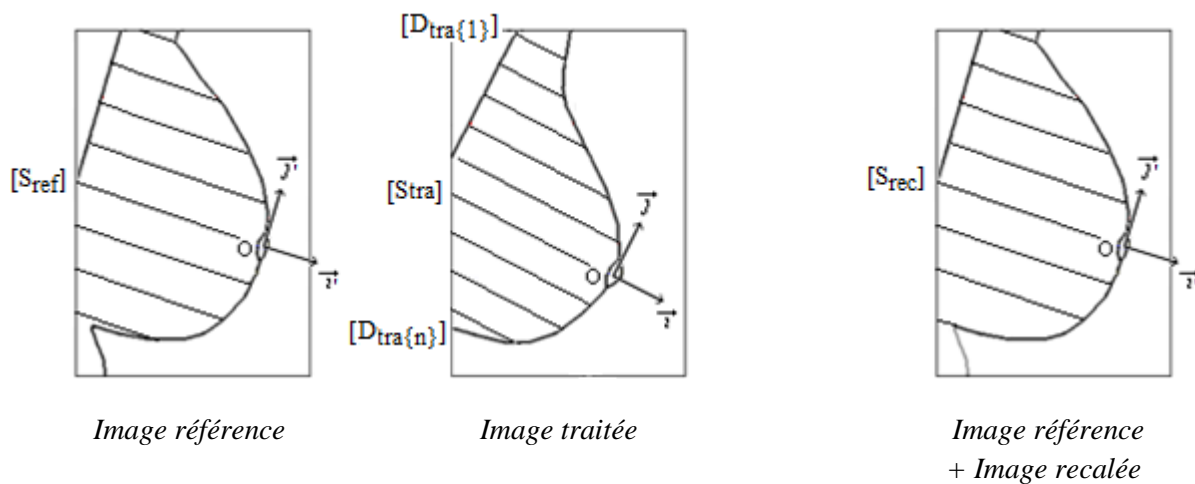


Figure 3.18 – Référentiel et structuration du contenu des images pour le recalage orienté

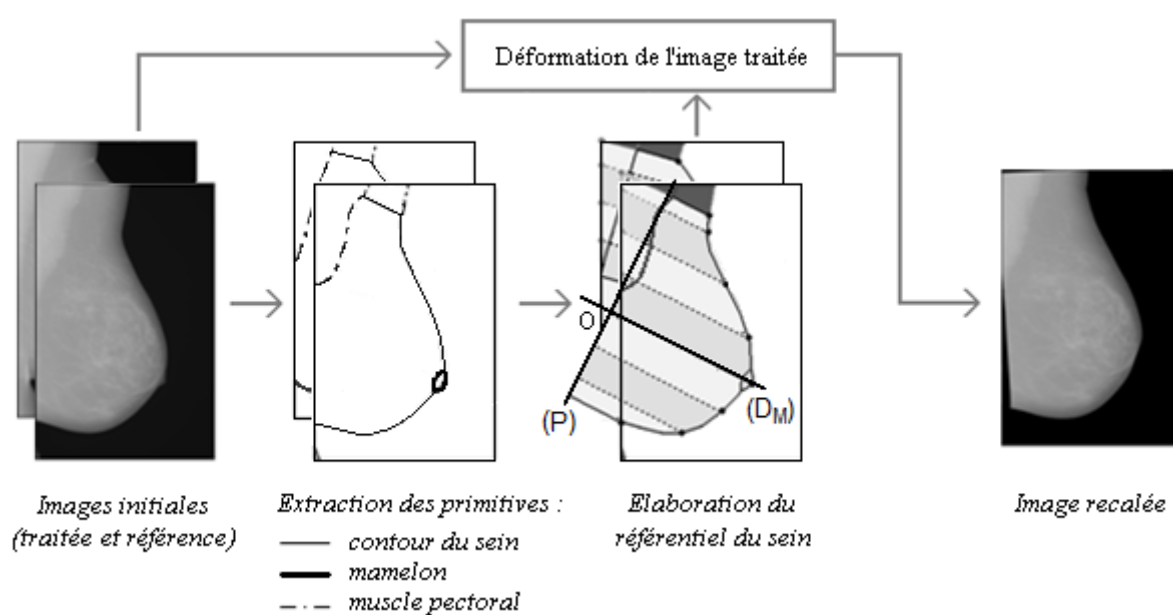


Figure 3.19 – Méthode de recalage orienté

Cette méthode [Bou10] débute par une étape globale. On effectue une translation et une rotation afin que les repères cartésiens, dans l'image traitée et dans l'image de référence, aient la même origine et la même orientation.

L'étape suivante est un recalage non-rigide local. Les segments parallèles à  $[S_{tra}]$  dans l'image traitée et à  $[S_{ref}]$  dans l'image référence, sont mis en correspondance deux à deux selon leurs positions par rapport au haut du sein, à la droite ( $D_M$ ) et au bas du sein. La longueur de chaque segment parallèle à ( $D_M$ ) qui constitue le sein traité, va prendre la longueur du segment correspondant dans l'image référence. Les segments qui se situent au-dessus (respectivement en-dessous) de la perpendiculaire passant par le mamelon, dans l'image traitée, sont mis en correspondance avec des segments qui sont au-dessus (respectivement en-dessous) de la perpendiculaire passant par le mamelon, dans l'image référence (cf Fig.3.19). Le recalage non-rigide est ainsi décomposé en une succession de deux étirements dans des directions orthogonales.

Cette méthode permet le recalage de tout point du sein en utilisant uniquement des primitives pertinentes.

## Recalage polaire

Dans le cadre de mammographies, les primitives anatomiques utilisées pour cette méthode sont le mamelon, le contour du sein (avec limite haute et limite basse) et la frontière entre le muscle pectoral et le sein approximé par une droite. Le référentiel permettant de structurer les images est un repère polaire dont l'origine est un point par rapport auquel le sein est étoilé. Cette représentation va permettre de recaler tout point du sein de la mammographie traitée à l'intérieur du contour du sein de la mammographie référence. Le champ de déformation produit par cette méthode est orienté et non-rigide (cf Fig 3.22). Cependant, la répartition des tissus est différente de celle produite par le recalage orienté ou le recalage linéaire. Le champ de déformation produit est celui qui correspond le mieux au modèle physique du sein [Chu08]. La restructuration des tissus corrige les différences de pression subies par le sein lors des différents examens.

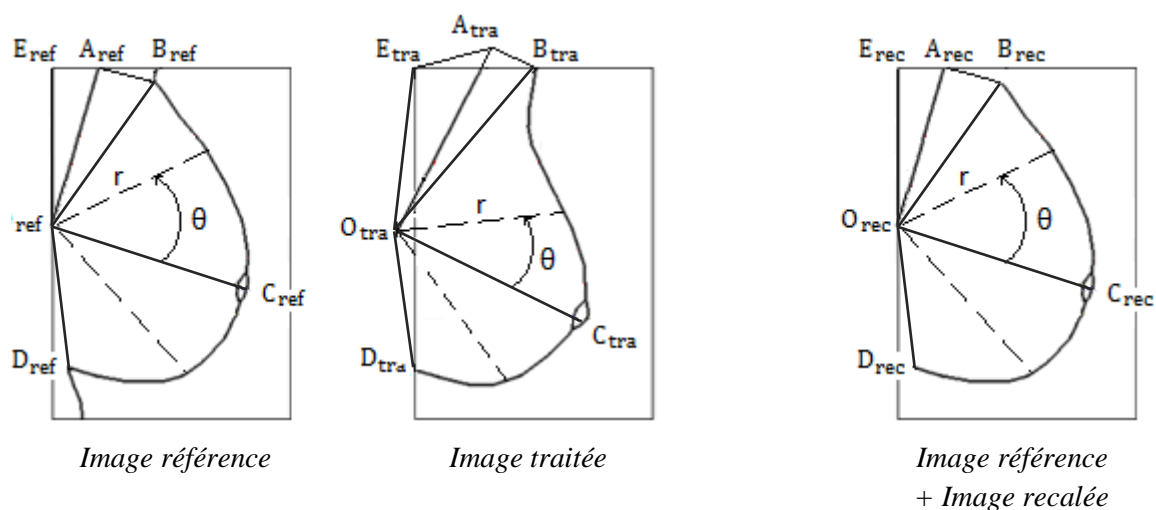


Figure 3.20 – Structure du sein pour un recalage polaire



Soit  $C$  le mamelon,  $O$  est le projeté orthogonal de  $C$  sur la délimitation muscle pectoral/sein.  $O$  est l'origine du repère polaire ( $O, \theta, r$ ). Le sein est divisé en secteurs angulaires. Cette division utilise les primitives extraites et le contour de l'image.

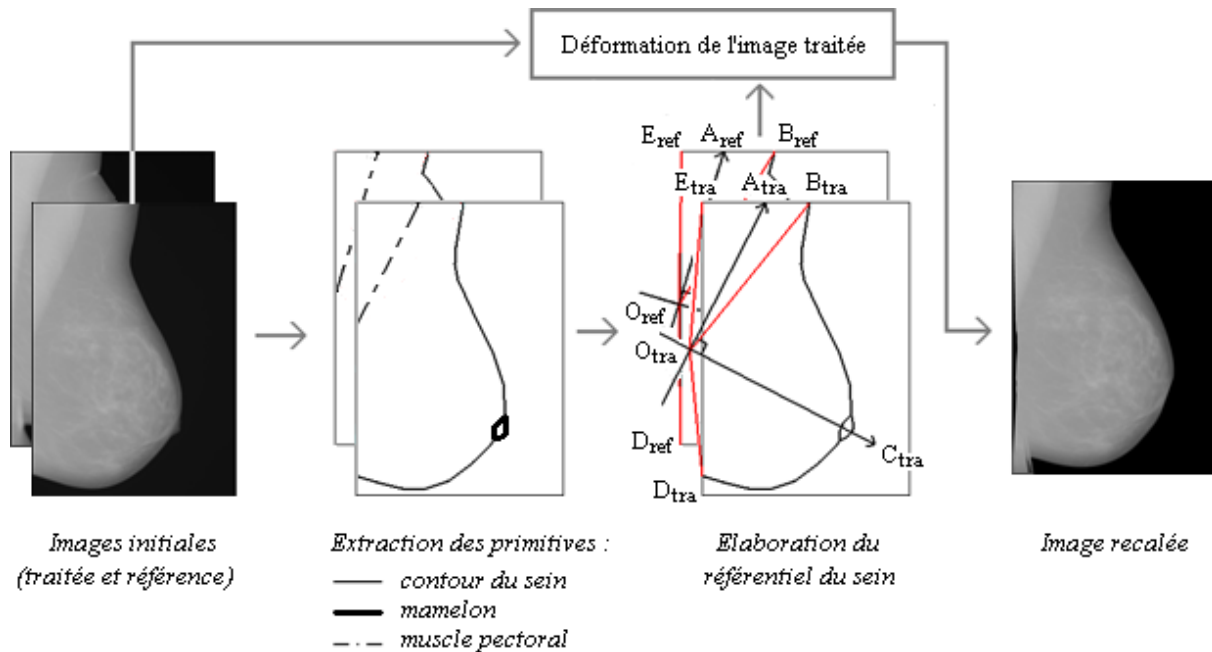


Figure 3.21 – Méthode de recalage polaire

Ces points sont :

- le point de la délimitation du muscle pectoral le plus éloigné de l'origine noté  $A$ ,
- le point de la limite haute qui coupe le contour du sein noté  $B$ ,
- le point de la limite basse qui coupe le contour du sein noté  $D$ ,
- le coin supérieur gauche du sein sur le cliché  $E$ ,
- le mamelon  $C$  (cf Fig 3.20).

Le recalage débute par une transformation rigide et globale de l'image : une translation et une rotation. Cette étape superpose les origines et les axes des deux référentiels.

La seconde étape est un recalage non-rigide local. Elle consiste à recalcr les différents rayons repérés grâce à l'angle qu'ils forment avec des axes passant par des points fixes (muscle pectoral, mamelon...), puis à effectuer le recalage linéaire de ces rayons par secteur angulaire. La longueur de chaque rayon de l'image traitée prendra la valeur de la longueur du rayon correspondant dans l'image de référence et on effectue sur ce segment un recalage linéaire. Par exemple, le rayon  $[O_{tra} A_{tra}]$  du cliché traité sera recalé pour prendre la forme et la position du rayon  $[O_{ref} A_{ref}]$  sur le cliché recalé. De plus chaque rayon compris dans le secteur angulaire  $\widehat{x_{tra} O_{tra} y_{tra}}$  ( $x$  et  $y$  représentent  $A, B, C, D$  ou  $E$ ), sera recalé sur le rayon appartenant au secteur angulaire  $\widehat{x_{ref} O_{ref} y_{ref}}$  lui correspondant (cf Fig 3.20). Le recalage non-

rigide est ainsi décomposé en une succession de deux types d'étirements, l'un dans le domaine angulaire, l'autre dans le domaine spatial.

Cette méthode de recalage, comme la précédente, vise à modéliser les déformations subies par le sein lors de l'examen. L'évaluation de ces différentes méthodes permet de quantifier l'impact des choix effectués, que ce soit au niveau des primitives anatomiques sélectionnées ou des référentiels qui en découlent.

## Récapitulatif des méthodes présentées

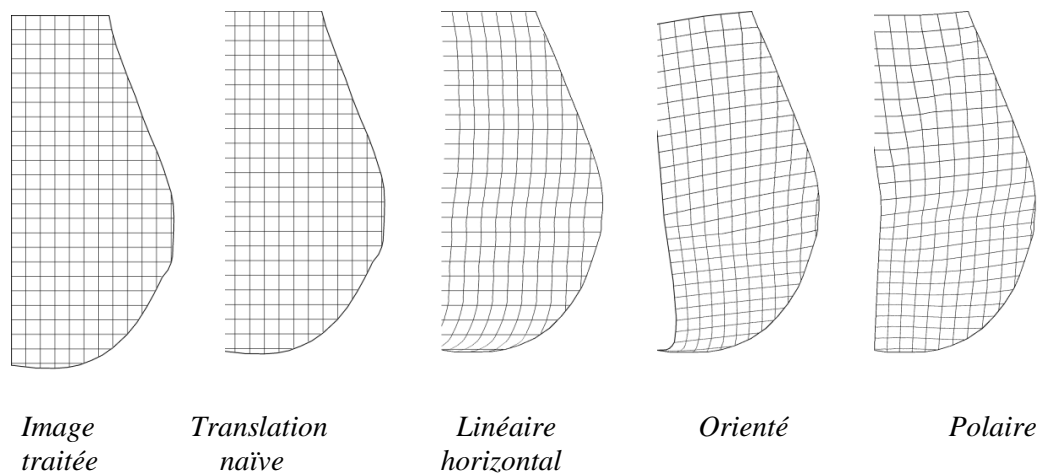


Figure 3.22 – Champs de déformation proposés

La figure 3.22 illustre les différents champs de déformation produits. On peut observer sur la représentation graphique du champ de déformation associé à la translation naïve que la déformation est uniforme et donc peu complexe. La méthode de recalage linéaire horizontale a pour principal défaut de déformer l'image uniquement horizontalement.

Les transformations orientée et polaire offrent des champs de déformation plus complexes. Ces méthodes bénéficient d'une réorientation de l'image et également d'une information plus riche pour ce qui est du contour du sein. Les limites haute et basse « bornent » le contour et même le sein dans son ensemble. Les transformations produites par ces méthodes sont plus pertinentes car élaborées à partir du modèle physique du sein. Ces deux transformations visent à respecter au mieux la physique interne, et la compression subie par le sein pendant l'examen médical.

## 3.4 Evaluation des méthodes de recalage

La validation joue un rôle primordial dans le domaine du traitement d'images et en particulier dans le domaine de l'imagerie médicale, du fait de l'application potentielle en routine clinique. Il est nécessaire de pouvoir évaluer quantitativement l'efficacité, la robustesse, et les limites des méthodes sur une base d'images. L'évaluation et la comparaison des méthodes, en particulier dans le contexte du recalage, sont des problèmes délicats, principalement liés au fait de l'absence de vérité terrain. La principale difficulté de cette étape est qu'il n'existe pas de protocole d'évaluation commun. L'utilisation qui est faite des images et leur nature vont modifier l'importance des différents critères permettant la validation d'une méthode.

### 3.4.1 L'évaluation du recalage dans la littérature

Les méthodes de recalage peuvent être évaluées à l'aide d'une mesure de similarité calculée sur les niveaux de gris de l'image (information mutuelle, information mutuelle normalisée...). Cette évaluation a l'avantage de tester l'ensemble des pixels de l'image, mais elle ne tient pas compte de la distance entre la position obtenue et la position souhaitée. De plus, une analyse des différences entre images suppose que le recalage est suffisamment efficace pour masquer toutes les différences entre deux clichés, même si ces différences sont dues à une évolution des tissus, et dans ce cas, elles faussent l'évaluation du recalage. Ce type d'évaluation nous paraît donc inadapté aux images de mammographies où l'analyse de l'évolution des masses constitue le principal objectif.

Des critères de validation ont été définis par Janin et al [Jan02]. Ils nous donnent une base de réflexion pour l'élaboration d'une évaluation :

Exactitude	:	la différence entre les valeurs trouvées et les valeurs théoriques,
Fiabilité	:	la précision et la reproductibilité,
Robustesse	:	les performances de la méthode dans des cas particuliers,
Uniformité	:	la différence entre la composition de plusieurs transformations formant un circuit, et la transformation identité,
Détection des défauts	:	la capacité de l'algorithme à évaluer automatiquement les défauts, de façon à pouvoir avertir l'utilisateur en cas d'échec,
Complexité et rapidité	:	la complexité de la transformation, le temps de calcul, le degré d'automatisation.

On peut également appliquer un protocole évaluant l'impact que le recalage aura sur l'utilisation qui est faite des images. La notion d'optimalité du recalage semble être étroitement liée à l'application qui en est faite [Cru03].

Une approche simple de la validation est de faire effectuer un contrôle du résultat par un praticien qui visualise le résultat après fusion par différents moyens : vue en « échiquier » (les

cases noires et blanches sont remplacées par les deux modalités recalées), vue en transparence, vue en fausses couleurs, etc. La comparaison de deux clichés recalés par un expert est appelé "bronze standard" [Gla06]. Le défaut de ce genre d'approche est de fournir un jugement qualitatif sans pouvoir le quantifier précisément. Cela demanderait l'intervention d'un grand nombre d'experts.

Une évaluation fournissant un résultat chiffré permet de comparer différentes méthodes appliquées à différents projets. Le seul jugement de différents experts permet de déterminer si une méthodologie est pertinente ou non, mais pas toujours de les comparer entre elles.

De nombreux travaux sont évalués en comparant une image  $I$  avec cette même image ayant subi une transformation connue  $f$  afin d'évaluer un recalage  $t$  en comparant  $I$  et  $t(f[I])$ . Ce type de méthodes est appelé "gold standard" [Pen02].

D'autres types de validation ont été développés. Par exemple, l'université de Vanderbilt a constitué, dans le cadre de l'évaluation du recalage d'images cérébrales, une base d'images à mettre en correspondance, dont la référence est connue [Wes97]. Des marqueurs spécifiques qui servaient de repères, ont ensuite été effacés des images. Cette approche a l'avantage de permettre d'estimer la distance moyenne entre les tissus devant être superposés. Notre protocole d'évaluation se fonde sur cette idée, en remplaçant les repères externes par des repères internes (microcalcifications, macrocalcifications, agrafes ...) annotés par un expert.

Les évaluations effectuées visent à estimer l'erreur moyenne, ainsi que la variabilité de l'erreur de recalage qui subsiste après l'utilisation des méthodes élaborées. La méthode de validation la plus pertinente consiste à comparer le résultat à une référence, d'une part, et le résultat obtenu à ce qu'il aurait dû être, d'autres part.

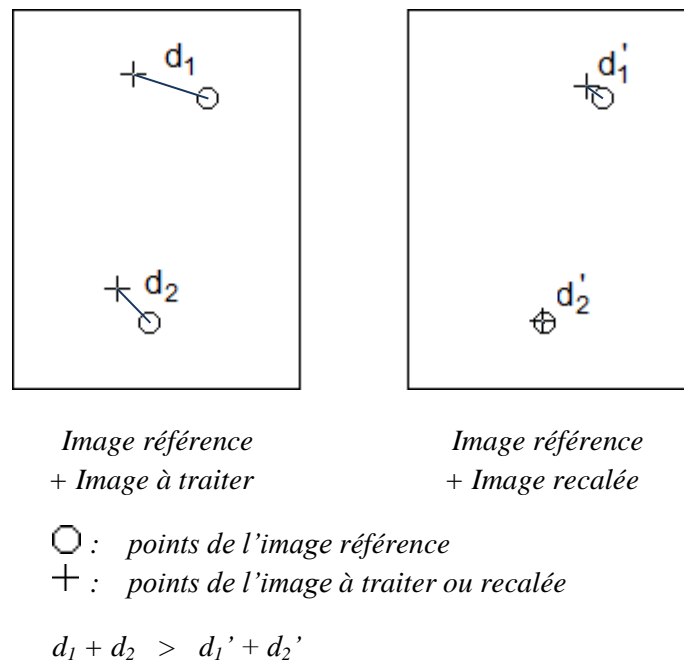


Figure 3.23 – Evaluation métrique du recalage d'une image  $J$  comparée à une image référence  $I$

Dans le cadre de nos recherches, les clichés analysés étant issus d’une même modalité, un couple de mammographies peut participer à l’évaluation du système, si ce couple représente la même incidence du même sein d’une même patiente. L’évaluation sera effectuée sur des séries temporelles de deux clichés, le plus récent étant recalé puis comparé au cliché le plus ancien qui sert donc de référence.

L’évaluation sera fondée sur une mesure métrique : la moyenne des distances entre les points recalés, et la position qu’ils devraient occuper, comme l’illustre la figure 3.23.

### 3.4.2 Evaluation des méthodes élaborées

Les méthodes présentées ont été évaluées sur un échantillon de 34 paires de mammographies. Dans le cadre de notre évaluation, une paire est une série temporelle d’un sein en vue oblique. Sur chaque paire de clichés, 5 points repérables sur les deux images ont été annotés manuellement par un expert, et la distance moyenne qui sépare ces 5 points après recalage sera mesurée. Des exemples de points choisis par l’expert ainsi que des illustrations du recalage de ces points sont fournis en annexe 1 : Evaluation du recalage par repérage expert.

La validation des résultats visant à évaluer la qualité d’une méthode de recalage et non la qualité de l’extraction de primitives, l’extraction des primitives anatomiques est réussie sur les 34 paires de clichés de l’ensemble d’évaluation.

Le tableau 3.3 regroupe la moyenne des distances moyennes, ainsi que le minimum, le maximum et l’écart type des différentes distances obtenues à l’aide de nos méthodes de recalage.

Méthode	Moyenne	Ecart type	Min	Max
Avant recalage	10,8	6,4	3,6	37,5
Translation naïve	6,7	3,9	2,1	16,7
Linéaire horizontal	6	3,9	1,4	18,4
Orienté	6,8	3,1	1,6	13,2
Polaire	6,8	3,3	1,4	14,8

Tableau 3.3 – Récapitulatif des résultats sur l’ensemble des méthodes (en mm)

Afin de mieux appréhender les forces et les faiblesses des méthodes élaborées, trois exemples extraits de la base d’évaluation sont détaillés ci-dessous. Le premier illustre un très bon résultat, le second un résultat dans la moyenne, et enfin le dernier exemple montre un recalage nécessitant un fort *a priori* pour être efficace. Ils ont été choisis pour leur représentabilité des résultats obtenus sur l’ensemble des expérimentations. Comme dans l’annexe 1 de cette thèse, les résultats sont montrés à travers la cartographie des points de

repère extraits par l'expert. Les cartographies des 3 couples détaillés sont reproduites figure 3.24.

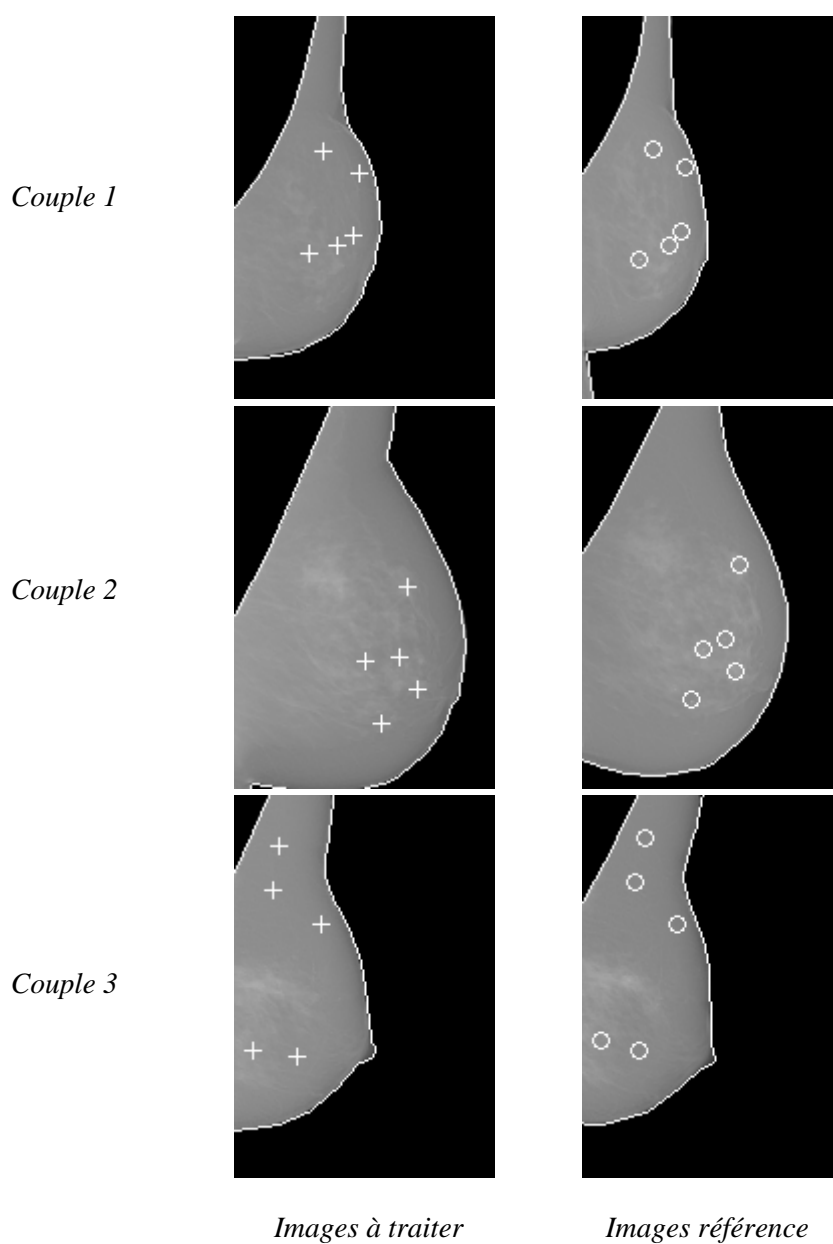


Figure 3.24 – Trois couples de mammographies (séries temporelles)

Pour plus de lisibilité, la texture des mammographies n'est pas reproduite pour la comparaison de la position des points annotés, seuls les contours et les points extraits par l'expert sont représentés sur la figure 3.25 ci-dessous. Chacun des cas met en lumière les forces ou faiblesses des méthodes développées.

## Couple 1 superposé

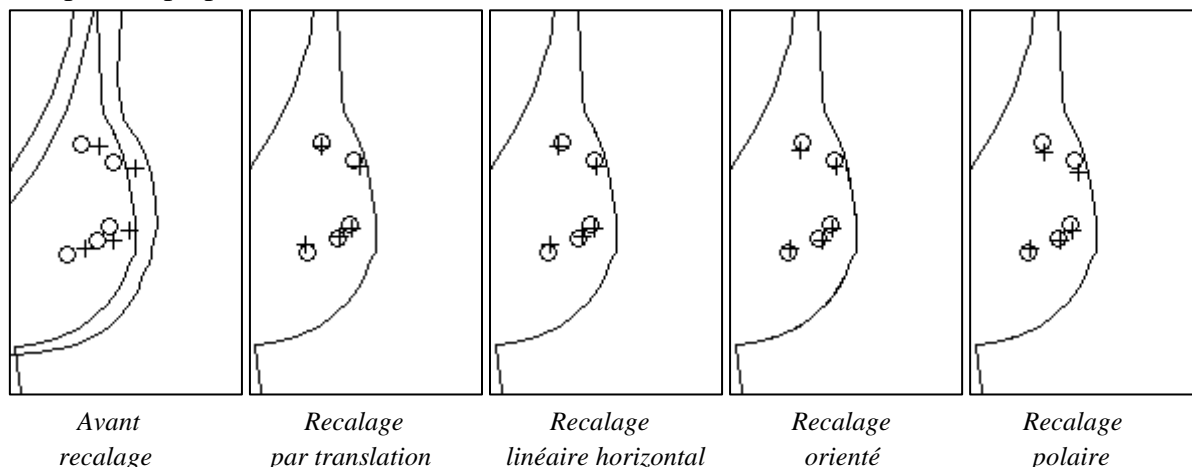


Figure 3.25 – Les méthodes de recalage appliquées à l'exemple 1

Type de recalage	Avant recalage	Translation naïve	Linéaire horizontal	Orienté	Polaire
Moyenne des distances	11,1	2,5	2,3	2,5	1,5

(en mm)

Tableau 3.4 – Erreur de recalage moyenne sur 5 points (exemple 1)

Dans la majorité des cas, le cadrage entre deux mammographies est « proche ». Cela est dû aux normes utilisées par les experts lorsqu'ils réalisent leurs clichés. De plus, sur le couple de mammographies 1, les tissus internes du sein sont compressés de manière comparable. Ainsi, le sein sur les deux clichés a la même forme, la même orientation, et une texture interne très proche. Dans ces conditions, les méthodes de recalage, de la plus simple à la plus complexe, donnent des résultats assez proches.

## Couple 2 superposé

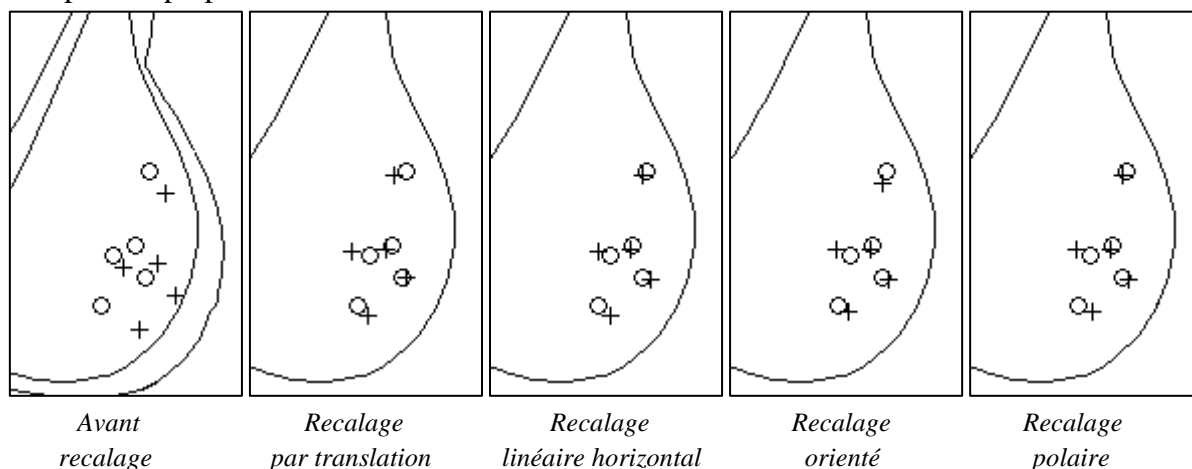


Figure 3.26 – Les méthodes de recalage appliquées à l'exemple 2

Type de recalage	Avant recalage	Translation naïve	Linéaire horizontal	Orienté	Polaire
Moyenne des distances	16,5	7	6,2	5,6	6,3

(en mm)

Tableau 3.5 – Erreur de recalage moyenne sur 5 points (exemple 2)

Dans ce couple de mammographies, le cadrage reste très proche. Par contre, les tissus internes sont compressés différemment. En atteste le recalage par translation, qui est suffisant quand les tissus ont la même répartition sur les deux clichés (comme dans l'exemple du couple 1). Ici, bien que l'aplatissement soit différent, la différence est homogène sur l'ensemble du sein. Dans ce genre de cas, un recalage qui étire les tissus tel que les méthodes de recalage linéaire, orienté et polaire, donne de meilleurs résultats.

## Couple 3 superposé

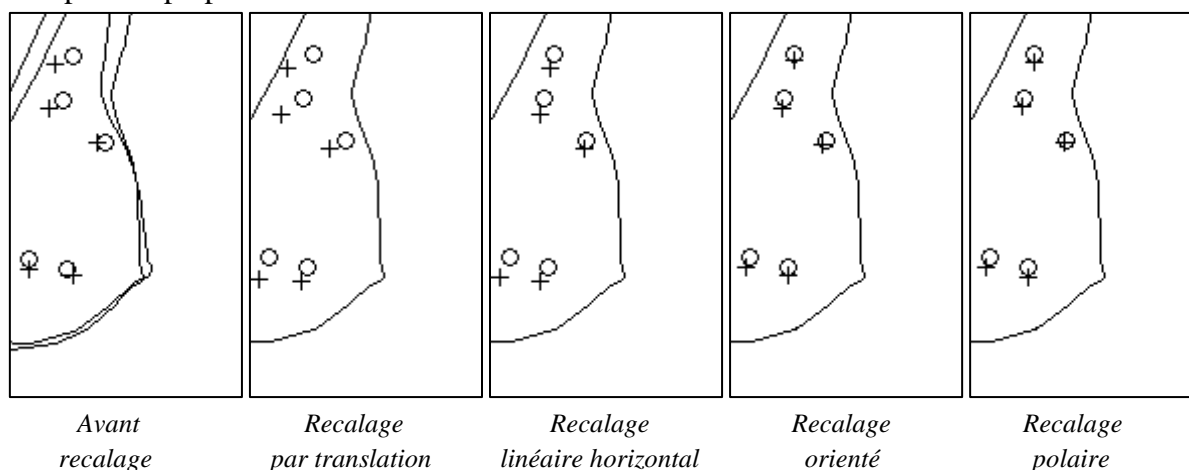


Figure 3.27 – Les méthodes de recalage appliquées à l'exemple 3

Type de recalage	Avant recalage	Translation naïve	Linéaire horizontal	Orienté	Polaire
Moyenne des distances	7,4	12,6	8,2	4,8	4,3

(en mm)

Tableau 3.6 – Erreur de recalage moyenne sur 5 points (exemple 3)

Dans le couple 3, le cadrage et le positionnement du sein est quasi identique. Pourtant, une translation ou un étirement horizontal ne suffit pas. Pire, ces transformations dégradent la distance moyenne entre tissus annotés. Les changements entre les deux clichés ne sont pas uniformes dans le cas du couple 3. Si la partie inférieure du sein occupe quasiment la même position, la partie supérieure du sein est positionnée différemment. Une méthodologie adaptative est donc nécessaire pour ce type de cas. Ce couple atteste de l'importance des primitives anatomiques utilisées pour le recalage. A la vue de ce résultat, l'orientation du sein,



ainsi que les limites haute et basse du contour du sein (cf Fig. 3.10, page 79) sont indispensables en plus du mamelon, du contour du sein et du muscle pectoral. Si des méthodes plus simples fondées sur un nombre limité de primitives peuvent suffire pour les cas simples, une déformation un peu plus complexe nécessitera la précision du recalage orienté ou polaire.

Ces résultats montrent que les méthodes présentées ont des résultats relativement proches. On remarque que bien que le recalage linéaire horizontal obtienne l'erreur moyenne la plus faible, c'est le recalage orienté qui a l'écart type et l'erreur maximum la plus faible. Les résultats du tableau 3.3, ainsi que les exemples exposés ci-dessus prouvent qu'un recalage simulant une structure plus complexe du sein donne un résultat plus robuste qu'un recalage trop dépendant d'un seul point de repère ou du contour de l'image. L'adaptabilité des méthodes de recalage orienté et polaire leur permet de réduire l'ensemble des déformations dues au cadrage ou à l'aplatissement du sein. Il est difficile de déterminer laquelle de ces deux approches est la plus pertinente, les résultats obtenus étant très proches. Une étude mettant en relation la précision du recalage, suivant la position du point dans le sein pourrait permettre d'améliorer la méthode. Comme il est dit précédemment, le modèle physique du sein se rapproche du modèle orienté lorsque les tissus sont proches du muscle pectoral et du modèle polaire lorsque les tissus sont proches du contour du sein. Une hybridation de ces méthodes pourrait permettre d'améliorer les résultats obtenus.

L'ensemble des méthodes présentées recale une image en moins de 4 secondes (programmé en Java, et exécuté sur Intel Core i3 2.27GHz), et permet ainsi une analyse du couple d'images en temps quasi réel (cf tableau 3.7).

Type de recalage	Translation naïve	Recalage linéaire	Recalage orienté	Recalage polaire
Temps moyen par images	3,05	3,95	4,05	4,12

Résultats en secondes obtenus sur Intel Core i3 2.27GHz

*Tableau 3.7 – Temps de recalage moyen par méthode*

Ces méthodes de recalage sont donc rapides et efficaces. Il faut néanmoins noter que le recalage n'est pas une fin en soi. Cette étape a pour objectif de minimiser la distance entre tissus comparables, d'obtenir une distance maximum entre tissus comparables, bornée par un seuil. Cette limite permettra d'utiliser les résultats tout en connaissant leur marge d'erreur. Pour tout point de l'image, on pourra alors dire que le point qui lui est associé sur l'autre image est à moins de un centimètre du point recherché. La connaissance de ce seuil est indispensable pour effectuer une analyse conjointe des clichés, pour savoir par quelle distance maximum, deux points à comparer sont séparés.

### 3.5 Conclusions et observations en vue de l'analyse des images traitées

La méthodologie exposée explore différents compromis entre méthodes globales et méthodes locales, afin d'être adaptative comme peut l'être une méthode de déformation non-rigide, tout en intégrant le processus humain d'une vision pré-attentive qui effectue une mise en correspondance rapide et globale, avant de traiter l'information plus localement et plus finement. De plus, ce cadre méthodologique permet un coût calculatoire plus faible que des méthodes analysant l'ensemble des pixels pour générer un champ de déformation complexe.

La force de cette méthodologie est

- son adaptabilité au type de primitives extraites de l'image, et
- la variabilité des champs de déformations pouvant être estimés (linéaire, orienté, polaire).

Dans l'application envisagée sur laquelle les évaluations ont porté, les méthodes les plus robustes sont le recalage orienté et le recalage polaire. Les distances entre les tissus que l'on souhaite comparer sont grandement diminuées. Ces résultats nous permettent de fixer une distance limite, un voisinage dans lequel on est certain que se trouve le point correspondant, pour l'analyse conjointe des clichés. La moyenne et l'écart type des résultats nous montrent que la majorité des points utilisés pour l'évaluation sont à moins d'un centimètre de distance après recalage. Ce seuil pourra donc être utilisé dans l'analyse conjointe.

Des améliorations peuvent être apportées sur certaines de ces méthodes de recalage. Les référentiels utilisés peuvent être améliorés afin de mieux modéliser les déformations subies par les tissus constituant le sein dans l'image traitée, en utilisant une structuration qui ne soit pas fondée sur des segments mais sur des courbes, par exemple. Les calculs seraient alors plus complexes, mais la structuration serait encore plus proche de la physique interne du sein [Chu08]. La distance moyenne séparant deux points censés être superposés pourrait ainsi être encore diminuée. Une distance moyenne plus faible permettra d'utiliser un plus grand éventail d'algorithmes pour l'analyse conjointe d'images.

Bien qu'il subsiste toujours de nombreuses perspectives de recherche, les méthodes sont robustes, et la connaissance de leurs possibilités est suffisamment fine pour effectuer l'analyse conjointe des clichés.

Quelle que soit la méthode de recalage utilisée, les tissus ne seront jamais parfaitement alignés. La problématique de la détection d'anomalies ne peut pas être résolue par une simple différence de niveaux de gris pixel à pixel. Il faut analyser les composantes des images sous un angle permettant de faire ressortir les différences caractéristiques. Les méthodes élaborées dans ce but sont présentées dans le chapitre suivant.



## Chapitre 4

### Comparaison d'images fondée sur un dictionnaire

4.1	Principe général de la méthode .....	page 102
4.2	Décomposition des mammographies .....	page 106
4.2.1	Modélisation de l'image .....	page 106
4.2.2	Construction du dictionnaire .....	page 108
4.2.3	Ensemble d'apprentissage .....	page 110
4.2.4	Classification .....	page 111
4.2.5	Représentants .....	page 115
4.3	Analyse d'un couple de mammographies par dictionnaire .....	page 117
4.3.1	Analyse globale .....	page 117
4.3.2	Analyse locale .....	page 118
4.4	Méthodologie d'évaluation et validation des paramètres .....	page 122
4.4.1	Base d'images utilisée .....	page 122
4.4.2	Anomalies pour l'évaluation .....	page 122
4.4.3	Modèle d'évaluation .....	page 123
4.4.4	Les paramètres de l'analyse .....	page 125
4.5	Evaluation des méthodes proposées .....	page 132
4.6	Conclusion .....	page 136

La problématique traitée dans ce chapitre est la détection d'évolutions tissulaires fondée sur la comparaison d'images médicales. Bien qu'applicable à d'autres problématiques, la méthodologie présentée dans ce chapitre a été grandement inspirée par l'analyse de dossiers de mammographies par un expert humain. Ce dernier ne se limite pas à l'observation d'une image isolée, mais, quand c'est possible, les médecins préfèrent comparer des clichés, soit des clichés acquis à des dates différentes, soit l'image du sein droit avec celle du sein gauche. Suivant la même logique que dans le chapitre précédent, notre objectif est d'élaborer un système d'aide au diagnostic dont les fondamentaux sont inspirés par les pratiques de l'expert humain. Il n'est pas ici question de créer une base permettant de délimiter certaines catégories d'anomalies pour certaines mammographies, mais d'élaborer un cadre méthodologique permettant de détecter toute évolution entre deux clichés, comme le ferait un expert (y compris une évolution vers la rémission).

Un expert, face à deux images montrant une évolution, va effectuer une comparaison locale. Il compare une portion d'une image à la portion lui correspondant dans l'autre cliché. En effet, une comparaison pixel à pixel n'est ni réaliste, ni pertinente. Deux clichés médicaux ne permettent pas de visualiser les mêmes tissus au même endroit avec une précision de l'ordre du pixel, même après une étape de recalage. De plus, l'analyse d'un pixel isolé n'est pas significative. L'environnement, ou plus mathématiquement, le voisinage d'un point, permet d'extraire des informations sur les tissus ciblés, que ce soit pour l'expert ou par le CAD. Il faut donc élaborer une méthodologie permettant de pallier les imprécisions de positionnement résiduelles des tissus (dus aux limites du recalage), et permettant également d'analyser le signal à l'échelle d'un ensemble de points, afin de simuler le processus d'analyse de l'expert.

Partant de ce postulat, l'analyse effectuée est pratiquée à partir d'une nouvelle représentation des images, ayant pour but de mettre en lumière des informations enfouies dans ces clichés et d'intégrer des processus du système de perception humaine. L'analyse va s'effectuer dans un nouveau référentiel. Ce dernier doit mettre en avant la parcimonie de la décomposition du signal, pour mieux en extraire les informations utiles au diagnostic. Le signal traité ne sera plus simplement représenté par des intensités lumineuses, mais par une suite de motifs, appelés dans la suite des atomes, qui forment le dictionnaire des éléments constituant le signal.

Nous présentons dans ce chapitre les travaux de recherche que nous avons effectués afin de détecter les évolutions entre deux images d'une paire d'images médicales, par décomposition des images traitées dans un nouveau référentiel. Cette méthodologie a été élaborée dans le cadre de l'analyse conjointe de couples de mammographies. Après avoir défini la problématique de classification abordée dans ce chapitre, et présenté les spécificités des données traitées relativement à ce problème, nous exposerons les différentes approches applicables à ces données que nous avons développées. Les méthodes présentées se différencient par la manière de mettre en relation et de combiner les données traitées, par

l'échelle d'analyse, ou encore par le regroupement des différents tissus. Les paramètres des méthodes sont ensuite validés sur une base de mammographies. Les évaluations ainsi que l'analyse des résultats obtenus sont regroupées dans la section 4.5 afin de mieux appréhender les forces et les limites d'une telle approche dans le cadre de l'analyse d'images médicales, et plus particulièrement, des mammographies.

## 4.1 Principe général de la méthode

Dans le domaine de l'aide au diagnostic, l'analyse des données du patient peut s'effectuer en croisant différentes données. Cela peut être l'analyse d'une suite de symptômes ou d'image(s) que le système doit interpréter à partir d'informations *a priori* (apprentissage sur des données *a priori* fournies par un expert, paramétrisation d'un classifieur). Dans le cadre applicatif de cette thèse, nous limitons les informations utilisées à des paires de mammographies (bilatérales ou suite temporelle). L'étude présentée dans ce chapitre est donc fondée sur l'analyse et la comparaison d'images médicales préalablement recalées, suivant les modalités décrites dans le chapitre 3.

Dans le cadre d'une analyse ayant pour objectif de fournir une aide au diagnostic sur une ou plusieurs images médicales, la caractérisation des textures peut être fondée sur une méthode générative de synthèse du signal (ondelettes, motifs ou autres éléments permettant de reconstituer le signal) ou sur une méthode plus statistique, la classification dans un espace de représentation permettant de discriminer les textures, les méthodes pouvant être génératives ou discriminantes. Pour permettre une meilleure évaluation de la confiance que l'on peut apporter à nos résultats, et pour augmenter la capacité à comprendre les décisions prises, nous avons choisi une approche générative plutôt que discriminante. Dans le cas d'une analyse par identification des éléments constitutifs, le dénombrement de ces éléments bien reconstruits est un indice précieux pour la détection d'évolution ou d'apparition d'éléments "exotiques". Une façon d'exploiter ces descripteurs locaux est la représentation par sac de mots ou "bag of words", proposée par Csurka et al. [Csu04]. Cette approche consiste à représenter le signal par l'histogramme du dénombrement des primitives constitutives. La problématique étudiée est donc la recherche du bon espace de représentation conduisant à la classification la plus pertinente des textures représentant les tissus étudiés. La décomposition du signal dans un nouveau référentiel permettra une représentation parcimonieuse la plus discriminante possible de ce signal comme illustré dans la figure 4.1, où les classes de niveaux de gris, deviennent des classes représentant différentes primitives constitutives.

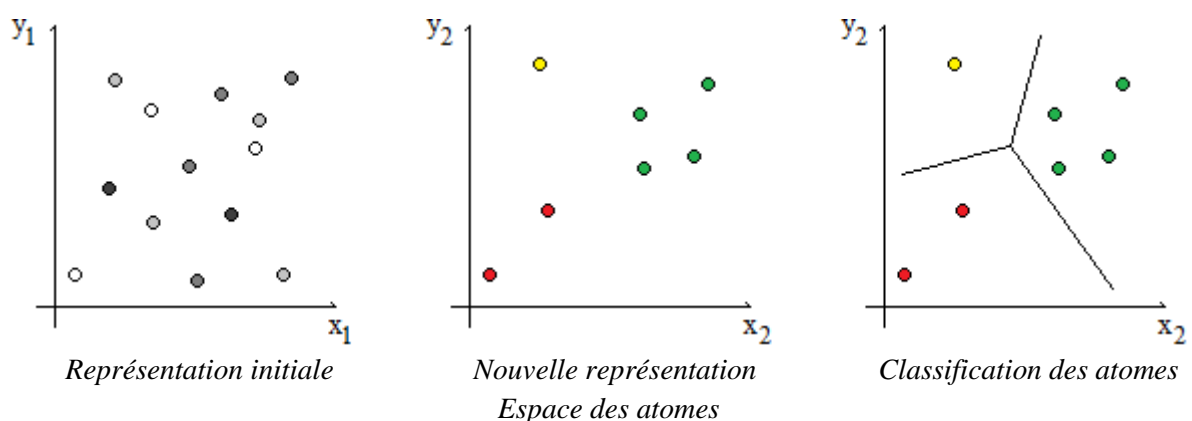


Figure 4.1 - Représentation et classification

Comme nous l'avons noté dans le chapitre 2, l'échelle d'analyse choisie doit être adaptée à l'échelle de ce que l'on souhaite déceler. Dans l'exemple de notre cadre applicatif, les phénomènes que nous voulons mettre en avant sont de différents types, comme une apparition de calcification (comme dans l'image 4.2), une modification architecturale, une apparition ou évolution d'une masse, ou encore une rémission. Toutes ces évolutions sont retranscrites sur le cliché par une modification dans la texture interne du sein. L'échelle que nous voulons choisir pour l'analyse est ici celle des textures et des motifs, échelle qui n'est pas facile à percevoir par l'expert médical lui-même. A une échelle trop grande ou trop petite, on ne différencie pas les tissus qui nous intéressent. La figure 4.2 illustre l'importance de l'échelle d'analyse, que cela soit pour le SVH ou pour un outil informatique. Cette figure représente deux lieux identiques dans deux mammographies d'un même sein à trois échelles différentes, les images étant prises à un an d'intervalle.

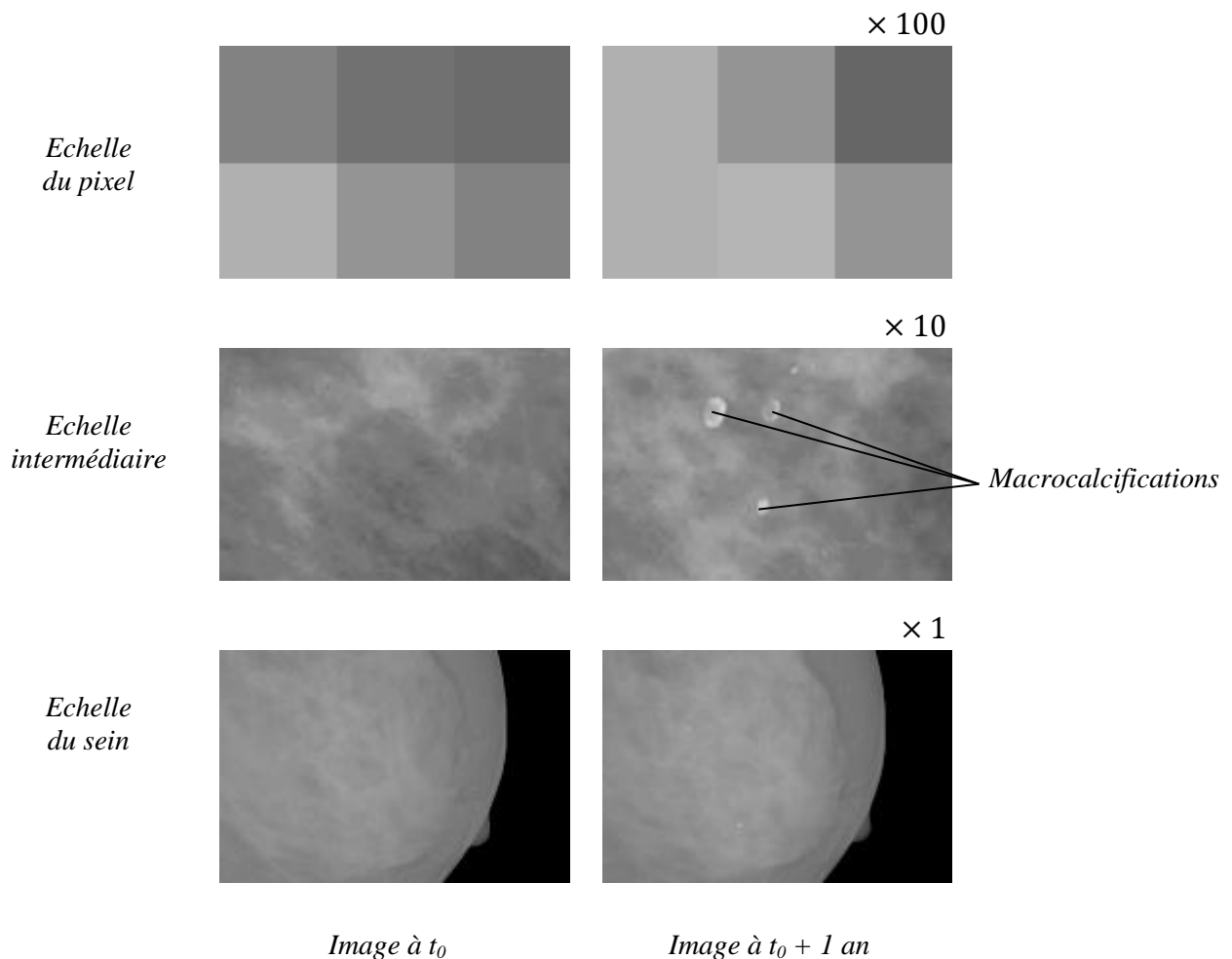


Figure 4.2 – Apparition de macrocalcifications chez une patiente  
(contraste augmenté de 75 % pour une meilleure visibilité)

Le choix des méthodes de classification est dicté par le type d'informations analysées. Dans notre cas, le fait de transformer un problème de détection de zone pathologique en un



problème de comparaison de deux images permet de passer d'un problème de classification à un problème de représentativité d'un ensemble par rapport à un autre, l'image à traiter. On retrouve la distinction qui est faite dans le domaine de la biométrie entre problème de reconnaissance et problème d'authentification. Ce sont deux problèmes différents mais qui ont néanmoins une base commune. Des tissus ayant trop évolué ne pourront pas être authentifiés par rapport aux images enregistrées du patient. Dans notre cas, une classification entre "tissus n'ayant pas évolué" et "tissus ayant évolué" permet d'éliminer les régions ne présentant pas de nouveaux facteurs de risques médicaux et ainsi permet d'aider au mieux l'expert en allégeant d'autant son examen limité aux zones à risque.

La problématique est donc dans un premier temps de choisir un ensemble d'atomes à partir d'un ensemble d'apprentissage. Cet ensemble d'atomes appelé dictionnaire représente le signal. Il doit compter le moins d'éléments possible, afin d'obtenir une décomposition parcimonieuse, tout en limitant l'erreur de reconstruction du signal dans ce nouveau référentiel.

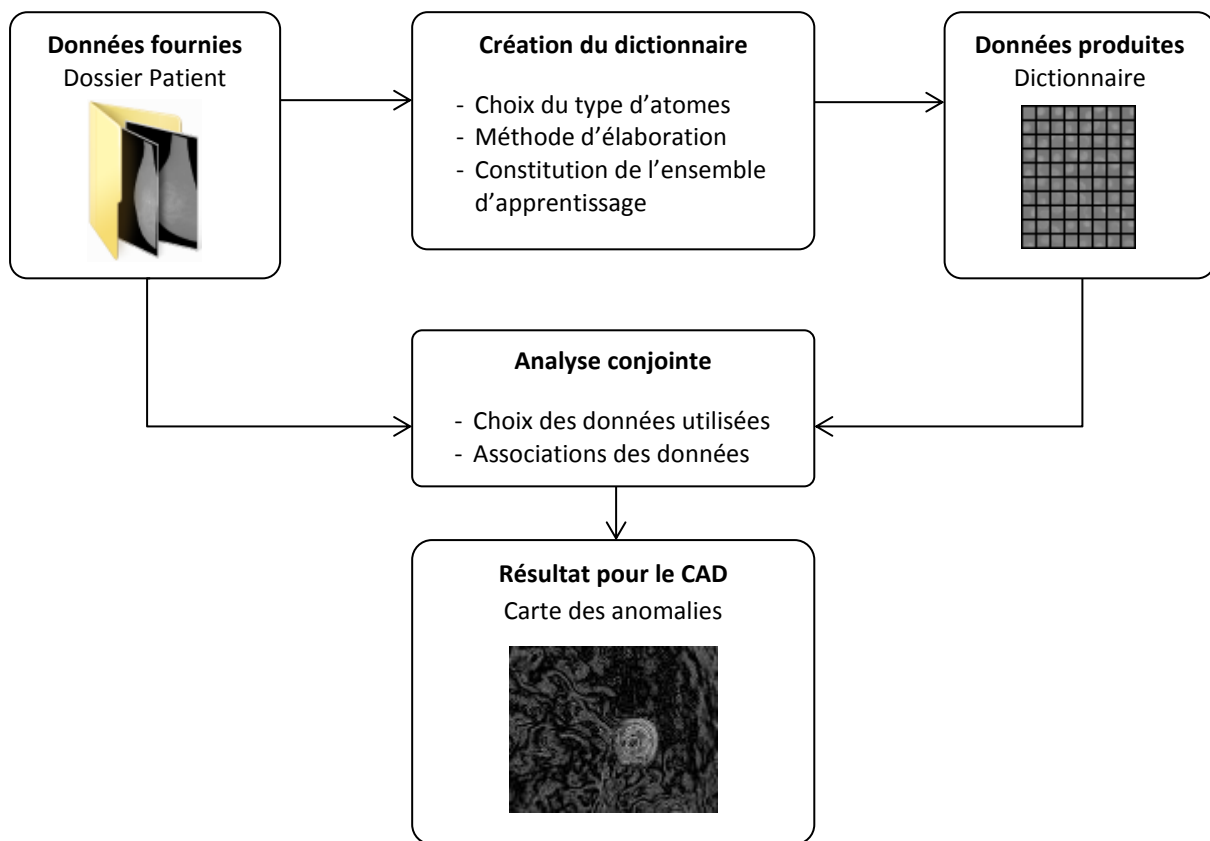


Figure 4.3 – Organigramme du cadre méthodologique de l'analyse conjointe d'images médicales

La seconde problématique est l'utilisation de la décomposition dans ce nouveau référentiel pour caractériser une évolution tissulaire. Les images, couplées au dictionnaire constitutif, permettent d'élaborer différents types d'analyse, suivant la manière dont ces informations sont combinées :

- Les données apprises peuvent être directement utilisées pour analyser une image, et ainsi effectuer une détection des zones typiques et atypiques du sein. Cette notion est directement liée à l'ensemble d'apprentissage. Les données de base peuvent représenter l'état connu de la patiente, en utilisant pour ensemble d'apprentissage la première image d'un dossier.
- Dans une seconde approche, les clichés peuvent être analysés conjointement à travers un dictionnaire représentatif de l'ensemble, la constitution des mammographies est comparée relativement à ce référentiel commun.

Ces deux axes possibles n'utilisent pas les informations fournies de la même manière, ni à la même échelle. Les informations utilisées ainsi que les différentes étapes du cadre méthodologique de ces approches sont retranscrites dans l'organigramme de la figure 4.3.

Après avoir défini les atomes et les ensembles d'apprentissage pertinents, autrement dit, après avoir présenté la méthode de construction du dictionnaire dans le paragraphe 4.2, les méthodes d'analyse conjointe des mammographies par décomposition parcimonieuse sont présentées dans la partie 4.3.

## 4.2 Décomposition des mammographies

Nous avons choisi de représenter les images traitées à partir de nouveaux éléments constitutifs, plus en accord que les pixels qui constituent une vision à une échelle trop précise, avec les éléments que nous voulons mettre en évidence dans les images. Après avoir défini les fonctions permettant de modéliser une telle image dans un cadre classique (image codée en niveaux de gris), nous définirons les nouveaux éléments constitutifs en intégrant les observations faites précédemment sur les mammographies et leur analyse. Les caractéristiques de ces éléments doivent prendre en compte les limites du recalage et l'analyse faite par les experts pour s'en inspirer. De plus, ces nouveaux éléments constitutifs doivent permettre d'obtenir une décomposition parcimonieuse des mammographies et doivent être sélectionnés dans un ensemble d'apprentissage adapté. Les caractéristiques de cette nouvelle décomposition sont discutées et définies dans cette section.

### 4.2.1 Modélisation de l'image

Dans cette section, nous présentons la méthode de décomposition parcimonieuse des images étudiées. Nous rappelons qu'une image est un signal, ou un ensemble de pixels dont nous noterons  $(i,j)$  les coordonnées, elles appartiennent à un domaine  $E$ . Les pixels sont caractérisés par une fonction  $f$  de niveaux de gris. Comme nous l'avons vu dans l'état de l'art, cette formulation du signal peut s'exprimer mathématiquement sous la forme suivante :

$$S = \sum_{(i,j) \in E} f(i,j) \delta_{(i,j)} \quad (4.1)$$

où  $f$  permet la sélection d'une valeur parmi un ensemble ndg de niveaux de gris, et  $\delta_x$  est la distribution dans le domaine  $E$ , le dirac en  $x$ .

Cette formule ne correspond évidemment pas à la perception humaine de l'image. En effet l'homme ne perçoit pas les pixels de manière indépendante. Il a une vision plus intégrative du contenu d'une image. Il procède par agglomérations successives de pixels. Certains ont modélisé ce phénomène par l'introduction de champs de Markov qui seraient associés à une image en fonction de la texture.

Nous voulons modéliser cet aspect de la perception humaine par la création de zones d'influence. En chaque point ou pixel, le système de vision humain intègre le contenu d'un voisinage de ce pixel. A chaque position  $p$  de coordonnées  $(i,j)$  dans l'image est donc associé, non pas un niveau de gris mais un motif  $m_p$  centré en  $p$  et contenant le voisinage du point. La taille du voisinage dépend du type de vision, globale ou attentive, et du contenu même de l'image. Ce voisinage peut avoir toutes les formes imaginables en fonction d'un *a priori* ou de connaissances déjà acquises. N'ayant aucun *a priori*, et aucune direction ne semblant être privilégiée dans l'image, nous avons choisi pour ces voisinages des fenêtres carrées  $n \times n$  incluant une hypothèse d'isotropie des textures, propriété majoritairement réalisée dans les images traitées. Nous aurions pu considérer des fenêtres sous forme de disques correspondant à un modèle euclidien de l'espace qui nous entoure. Dans un premier temps, nous avons

choisi de considérer les voisinages les plus classiques en traitement d'images, des fenêtres carrées. Dans le cas des modifications d'architecture, cette hypothèse d'isotropie n'est pas remplie mais peut être contournée par un bon choix de la taille de la zone d'influence. L'utilisation de motifs comme éléments constitutifs est un changement de vision par rapport à une représentation fondée sur l'intensité lumineuse pixel à pixel. Une évolution tissulaire se traduisant par une évolution de la texture, ce changement d'espace permet d'utiliser un référentiel adapté pour le diagnostic de l'apparition d'anomalies dans une mammographie.

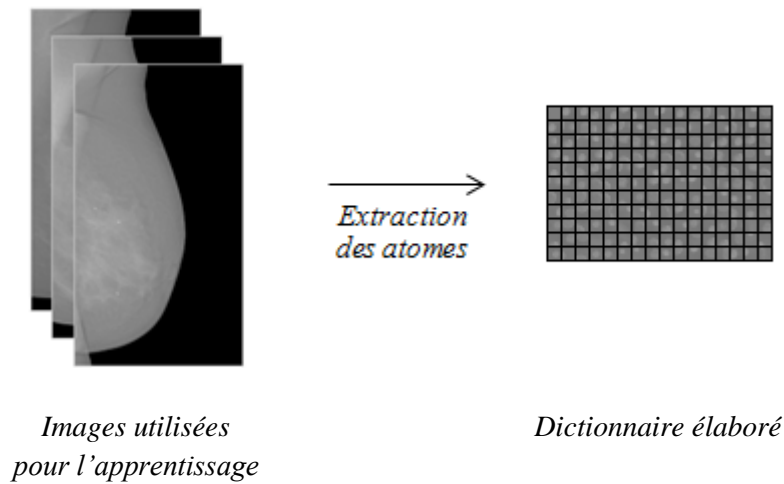


Figure 4.4 – Création du dictionnaire

Les décompositions parcimonieuses usuelles reposant sur un ensemble de motifs, dont la taille équivaut à celle des voisinages que nous considérons ici, réalisent un partitionnement de l'image dont la représentation devient alors :

$$S = \sum_{(i,j) \in E'} m_{k(i,j)} \cdot \delta_{(i,j)} \quad (4.2)$$

où  $m_{k(i,j)}$  est choisi parmi un ensemble de motifs  $K$  possibles,  $E'$  représente l'ensemble des blocs disjoints contenus dans le support de l'image.

Dans les équations (4.1) et (4.2), le signe somme correspond à une union des motifs puisqu'on a un partitionnement de l'image, il n'y a jamais recouvrement des motifs. Par la suite, nous allons considérer des zones d'influence avec chevauchement, aussi, nous devons définir un nouvel opérateur sur les motifs, noté  $\oplus$ . A chaque atome a été associé une fonction qui précise les niveaux des gris des pixels du motif, on la note  $f_a$ . Nous définissons  $a_1 \delta_{(i_1,j_1)} \oplus a_2 \delta_{(i_2,j_2)}$ , une image, définie par la fonction  $f$  à laquelle elle est associée, dont le support est inclus dans la réunion des supports respectifs des deux atomes  $a_1$  et  $a_2$ , et qui vérifie :

$$f(i, j) = \begin{cases} 0 & \text{si } (i, j) \notin \text{supp}(a_1 \cdot \delta_{(i_1, j_1)}) \cup \text{supp}(a_2 \cdot \delta_{(i_2, j_2)}) \\ f_{a_1}(0, 0) & \text{si } (i, j) = (i_1, j_1) \\ f_{a_2}(0, 0) & \text{si } (i, j) = (i_2, j_2) \\ T(f_{a_1}(k_1, l_1), f_{a_2}(k_2, l_2)) & \text{si } (i_1 + k_1 = i_2 + k_2 = i) \text{ et } (j_1 + l_1 = j_2 + l_2 = j) \end{cases} \quad (4.3)$$

où  $T$  est un opérateur à définir en fonction du contexte à modéliser, 0 désigne une valeur non observable. Dans le cas de la représentation classique d'une image, l'opérateur  $T$  prend la valeur 0.

Il n'est pas question pour modéliser l'image de prendre l'ensemble des motifs qui la constitue, mais d'utiliser un sous-ensemble de ces derniers, composé de petit nombre d'éléments le plus représentatif possible. Ces motifs seront appelés des atomes et ils composeront le dictionnaire  $D$ , regroupant ces  $K$  éléments de base du signal. Notre problème de décomposition de l'image se traduit donc par la recherche d'un ensemble  $D$  de motifs, de cardinal minimal, qui permette de décomposer « au mieux » le signal  $S$  par :

$$S = \sum_{(i,j) \in E} f(i, j) \delta_{(i,j)} \approx \bigoplus_{(i,j) \in E} a_{k(i,j)} \cdot \delta_{(i,j)} \quad (4.4)$$

où  $a_{k(i,j)}$  est choisi parmi les  $K$  éléments de  $D$ .

Cette approche permet l'analyse d'un point fondée sur l'analyse de son voisinage. Une telle décomposition est parcimonieuse uniquement si l'on utilise un nombre  $K$  de motifs inférieur au nombre de composantes génératrices précédemment utilisées. Dans le cadre d'une image en noir et blanc,  $K$  est comparé à  $nb(ndg) = 256$ .

Une analyse fondée sur une telle décomposition se réalise en plusieurs étapes. La première étape consiste à extraire ou générer des éléments représentatifs du signal. Nous présentons dans le paragraphe 4.2.2 la méthode d'élaboration de ce dictionnaire. C'est à ce niveau que les *a priori* intégrés au processus vont permettre d'obtenir la parcimonie de la décomposition. Au-delà des choix de forme et de taille de ces atomes, nous discuterons de la spécificité/universalité de l'ensemble d'apprentissage dans le paragraphe 4.2.3. L'ensemble d'apprentissage de ce nouveau référentiel détermine l'*a priori* inclus dans notre analyse. Le choix de l'échelle à laquelle s'effectue l'analyse est également central.

## 4.2.2 Construction du dictionnaire

L'élaboration du dictionnaire est cruciale pour la parcimonisation du résultat. Bien que de nombreux choix de paramètres soient possibles, toutes les méthodes d'élaboration suivent un schéma commun. A partir d'un ensemble d'apprentissage ( $EA$ ), par exemple composé des motifs de taille  $n \times n$  segmentés dans une ou deux images, une fonction de similarité permet de classer ces différents éléments en clusters. Chacun des clusters aura un représentant, appelé atome, qui sera retenu comme élément stocké dans le dictionnaire et qui permettrait de reconstituer le signal, l'approche est en cela générative. L'ensemble des représentants de classe forme le dictionnaire. Le choix de la fonction de similarité conditionne le degré de

parcimonie de la décomposition du signal, le choix des représentants de classe conditionne la qualité de reconstruction du signal. Ces différentes étapes sont résumées dans le schéma de la figure 4.5.

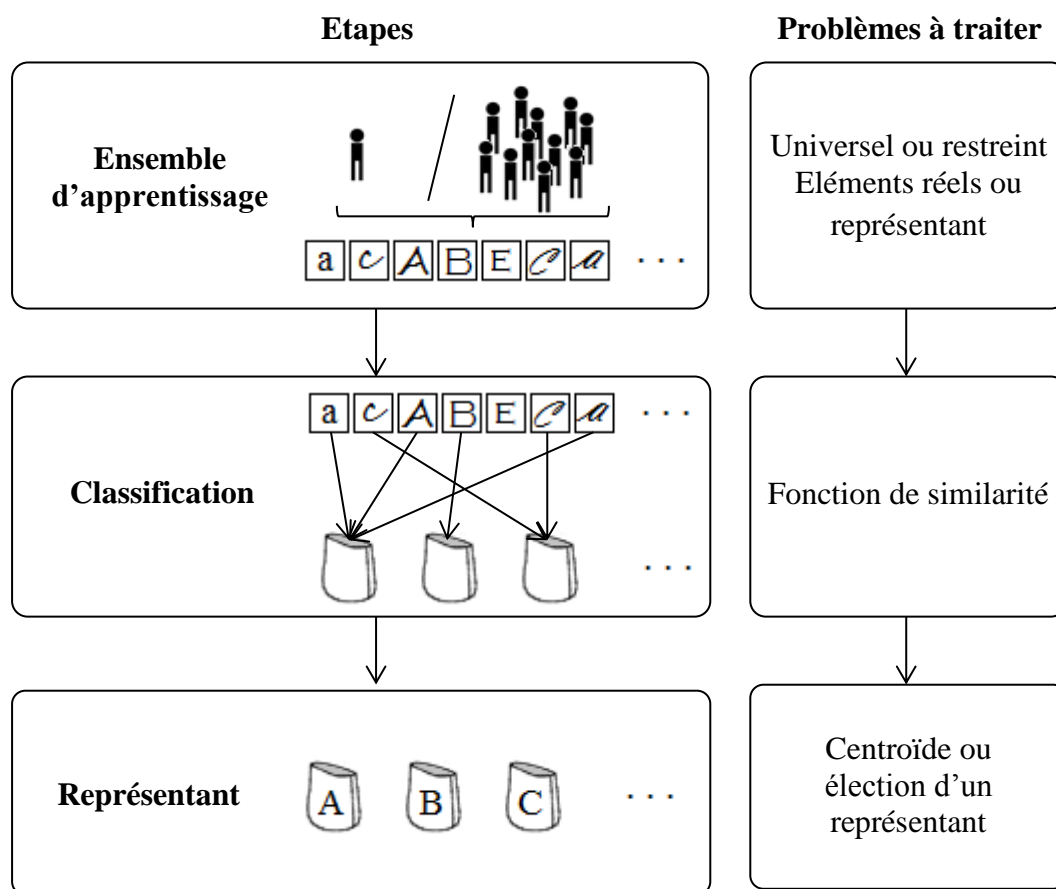


Figure 4.5 – Elaboration d'un dictionnaire à partir d'un ensemble d'apprentissage

Notre approche n'est pas de décomposer le signal en différentes couches, comme dans le cas de la transformée en ondelettes. Nous allons utiliser des motifs carrés, de taille  $n \times n$ , dont la taille la plus appropriée sera déterminée expérimentalement, elle dépend du problème traité (section "4.4.3 - Les paramètres de l'analyse"). Ces motifs sont extraits de l'ensemble d'apprentissage. A chaque coordonnée  $(i,j)$  est associé un motif de côté  $n$ . Une mammographie composée de  $x$  de pixels représentent le sein, sera décomposée en  $x$  motifs qui se chevauchent. La parcimonie de l'approche se trouve dans l'utilisation du dictionnaire contenant un nombre restreint d'atomes.

Les choix effectués dans ce paragraphe et les suivants sur le type de dictionnaire et la classification des éléments à partir de cet ensemble d'atomes, sont au cœur de la représentativité et de la parcimonisation de notre nouvelle représentation. Les choix des éléments, du nombre d'éléments utilisés et de l'ensemble d'apprentissage d'où ils sont extraits sont primordiaux. Le but étant, pour le dictionnaire, d'être le plus représentatif possible, il faut inclure dans le dictionnaire des motifs pouvant par la suite synthétiser des textures

classiques observées dans une mammographie mais également synthétiser au mieux les tissus peu présents, voir atypiques, sur les clichés.

### 4.2.3 Ensemble d'apprentissage

Les méthodes élaborées dans cette thèse tentent de modéliser le processus d'analyse des experts. Or, ces derniers pour analyser une mammographie, comparent avant tout entre eux les clichés d'une patiente, et n'effectuent pas à proprement parler de comparaison universelle, ils ne comparent pas les tissus avec ceux d'autres patientes. Bien sûr, ils tiennent compte de leur expérience et de l'âge de la patiente, mais la variabilité inter-patientes est telle que l'utilisation d'un dictionnaire universel, c'est à dire valable pour l'ensemble des patientes, paraît peu réaliste. Comme l'illustre la figure 4.6, les différences de densités et de répartition des tissus présentent une variabilité trop forte pour caractériser les tissus d'une patiente X à partir des tissus d'une patiente Y.

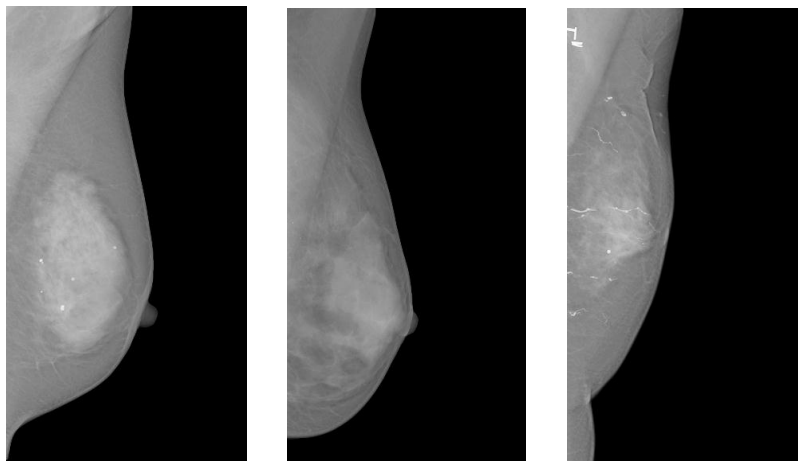


Figure 4.6 – Mammographies concernant trois patientes différentes

Au vu de ces différents arguments, et afin de respecter le *modus operandi* des experts, l'ensemble d'apprentissage utilisé sera, comme pour les praticiens, extrait du dossier, tout ou partie des images du dossier de la patiente. En effet le dossier d'une patiente comprend de nombreuses images. Composé de clichés de face et d'oblique du sein droit et du sein gauche saisis à des moments différents, ce nombre croît donc avec les années (voir Chapitre 1). Cette étape de comparaison d'images est naturellement précédée d'une étape de recalage, de manière à maximiser les similitudes entre clichés pour mieux faire ressortir les évolutions pathogènes. Les images utilisées doivent avoir la même orientation (de face, noté CC pour cranio-caudale, et oblique externe, notée MLO, pour médio-latéral-oblique), et représenter des seins issus d'une même patiente.

L'EA utilisé sera donc composé d'un ou deux clichés, issu(s) du même dossier, ayant la même orientation et représentant le même sein que celui de l'image à analyser.

L' $EA$ , le type d'atomes utilisés, ainsi que la méthode permettant de sélectionner les atomes permettront d'élaborer un dictionnaire représentatif pertinent grâce à une technique de classification des motifs contenus dans l' $EA$ .

#### 4.2.4 Classification

La méthodologie du "Matching Pursuit" décrite dans le paragraphe 2.3.3 de l'état de l'art, est caractérisée pour sa capacité à produire rapidement un dictionnaire très fortement corrélé au signal. Il sélectionne l'élément le plus présent dans le signal  $S$  étudié pour l'ajouter au dictionnaire, les occurrences de cet élément sont ensuite supprimées de  $S$ . Puis, le reste du signal est itérativement parcouru et ce processus est répété jusqu'à l'obtention du nombre d'atomes voulu, ou d'un certain degré de précision de la reconstruction du signal. La forte corrélation des atomes choisis avec le signal permet une reconstruction fidèle des portions les plus présentes de  $S$ . Cette qualité peut également être un défaut pour certaines applications. En effet, dans le cadre de la détection et du suivi d'anomalies tissulaires, une classe comptant un petit nombre d'éléments peut être très importante. Si les atomes retenus dans le dictionnaire sont mal choisis, les représentants d'une telle classe seront répartis dans d'autres classes, et un certain type d'originalité dans les clichés est alors ignoré, noyé dans les autres classes. Il faut donc mettre en valeur dans le dictionnaire les textures originales. Pour ce faire, il est raisonnable d'inclure dans le dictionnaire un élément très simple, tel qu'un motif uniforme selon le contexte, puis de rechercher tout ce qui s'en éloigne.

De manière à prendre en compte ces éléments, nous avons apporté les modifications suivantes à l'algorithme de base du Matching Pursuit.

---

#### Algorithme d'élaboration d'un dictionnaire

---

Soit  $EA$ , l'ensemble d'apprentissage utilisé,  
 $D$ , le dictionnaire,  
 $a_k$ , un atome issu de  $D$ ,  
 $e$ , l'erreur de reconstruction,  
 $C(x, y)$ , la contribution d'un atome  $x$  au signal  $y$ ,

$i = 0$   
 $a(0) = \text{motif le plus uniforme de } EA$   
 $EA(0) = EA - C(a(0), EA)$   
 $i = 1$   
 Tant que  $EA$  n'est pas vide  
     |  $a(i) = a_k \text{ tel que } d(a_k, D) > \varepsilon$   
     |  $EA(i) = EA(i - 1) - C(a(i), EA(i - 1))$   
 $i = i + 1$

---



Le dictionnaire est initialisé avec le motif le plus uniforme de l'EA. Les occurrences de ce motif sont ensuite supprimées de l'EA. Le reste du signal est itérativement parcouru. Pour accéder aux éléments représentant une texture originale, les motifs de l'EA sont sélectionnés s'ils sont suffisamment dissemblables des atomes précédemment sélectionnés.

Il faut donc choisir un critère de similarité entre un motif et les atomes du dictionnaire, permettant de déterminer si un motif correspond à une classe préexistante, ou si ce motif doit devenir le représentant d'une nouvelle classe, et donc un nouvel atome du dictionnaire. Ce critère de similarité suit la définition classique de distance d'un point à un ensemble :

Soit le dictionnaire  $D$  dont les éléments sont notés  $a_k$ , et  $m_0$ , le motif candidat. La distance  $d_M$  mesurant l'écart entre  $m_0$  et l'atome du dictionnaire qui lui est le plus proche est définie par :

$$d_M(m_0, D) = \min_{a_k \in D} d(m_0, a_k) \quad (4.5)$$

Si  $d_M$  est supérieur à un seuil  $\varepsilon$  donné, le motif  $m_0$  est ajouté au dictionnaire et devient donc un atome. Le choix de la distance  $d$  utilisée permet de choisir les informations qui vont être comparées. L'échelle choisie pour cette étude étant celle du motif et de la texture, une comparaison des niveaux de gris est la première possibilité envisagée. Comme dans tout mécanisme d'apprentissage de texture, l'invariabilité des motifs utilisés est un paramètre important, discuté dans le paragraphe suivant.

## Distance d et invariabilité

Cette section regroupe les outils élaborés afin de mesurer la distance entre un motif testé, et le dictionnaire existant. Le choix de la distance  $d$  est central pour la classification dans tout problème de reconnaissance de formes [Bas89], et également pour la parcimonie de la future décomposition. Elle doit donc retranscrire une vérité, délimiter des classes de motifs qui doivent avoir du sens. Cette notion de distance peut être prise comme une différence pixel à pixel ( $d_P$  équation (4.6)) ou dans notre cas, où on compare des textures stochastiques assez floues, absorber quelques déformations locales qui n'ont pas d'influence sur la nature des tissus ( $d_H$  équation (4.7)). La caractérisation de la distance entre un atome et un motif peut donc être obtenue par la matrice des pixels mais également en considérant les motifs représentés dans un espace de caractéristiques. Ici des caractéristiques de forme ainsi que des statistiques sur les niveaux de gris sont bien adaptées à la nature des textures.

Comme nous l'avons dit précédemment, une distance entre un motif et un atome de même taille,  $n \times n$  pixels peut simplement être la différence pixel à pixel des niveaux de gris afin de comparer des formes définies précisément :

$$d_P(m_0, a_k) = \sum_{i,j} |m_0(i,j) - a_k(i,j)| \quad (4.6)$$

La distance  $d_P$  définie par l'équation (4.5) utilise l'agencement des pixels sans prendre en compte une invariance à une rotation ou légère déformation. Dans la figure 4.7 et le tableau

4.1, on peut observer qu'une même "tache claire" peut être apprise un grand nombre de fois avec une position qui change dans le motif. Sémantiquement, cette tache a toujours la même signification et il est donc naturel que ces motifs soient dans une même classe.

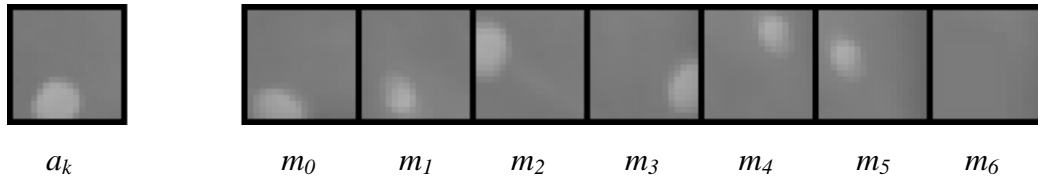


Figure 4.7 – Comparaison entre un atome  $a_k$  et différents motifs

Afin d'évaluer l'impact de ce facteur sur l'analyse effectuée, une mesure de similarité est utilisée. Nous la noterons  $d_H$  comme une distance. Cette mesure est invariante par rotation et même au mélange des pixels au sein d'un même motif. Pour obtenir cette invariabilité, la distance n'utilise plus la distance pixel à pixel, mais nous considérons que le motif est représenté par son histogramme des niveaux de gris échantillonné en  $w = 5$  classes, des plus foncés au plus clairs. Soit  $h_{m_0}$ , l'histogramme des niveaux de gris d'un motif à comparer aux histogrammes  $h_{a_i}$  des atomes du dictionnaire  $D$ . La distance  $d_H$  est définie comme suit :

$$d_H(m_0, a_k) = \sum_{i=1}^w |h_{m_0}[i] - h_{a_i}[i]| \quad (4.7)$$

Comme avec  $d_P$ , si  $d_H$  est supérieure à un seuil  $\varepsilon$  donné, le motif  $m_0$  dont est issu  $h_{m_0}$  est ajouté au dictionnaire et devient donc un atome.

Le tableau 4.1 montre les résultats obtenus en comparant un atome  $a_k$  avec des motifs représentant des tissus :

- très proche de  $a_k$  :  $m_0$  et  $m_1$ ,
- très proche de  $a_k$  à une transformation rigide près :  $m_2$ ,  $m_3$ ,  $m_4$  et  $m_5$ ,
- des tissus différents :  $m_6$ .
- 

Les motifs  $m_0$  et  $m_1$ , représentant des tissus semblables, sont considérés comme proche de  $a_k$  selon  $d_P$  et  $d_H$ , comparativement aux autres résultats. Pour  $d_P$ , les motifs  $m_2$  à  $m_5$  sont considérés comme plus dissemblables à  $a_k$  que  $m_6$ . Ce résultat est cohérent pour ce qui est du positionnement des niveaux de gris au sein d'un motif, mais une telle subtilité n'est pas forcément un atout pour la classification élaborée. La mesure  $d_H$  permet de délimiter les motifs  $m_0$  à  $m_5$  du motif  $m_6$ . L'invariabilité engendrée par la mesure  $d_H$  permet donc de regrouper ces éléments. L'impact sur les résultats du choix du mode de calcul des distances entre motifs sera évalué dans la section "4.4.4 – Les paramètres de l'analyse".

	$(m_0, a_k)$	$(m_1, a_k)$	$(m_2, a_k)$	$(m_3, a_k)$	$(m_4, a_k)$	$(m_5, a_k)$	$(m_6, a_k)$
$d_P$	0,018	0,027	0,10	0,10	0,10	0,10	0,044
$d_H$	0,004	0,029	0,004	0,004	0,029	0,029	0,92

Tableau 4.1 – Distance  $d_P$  et  $d_H$  entre un atome et différents motifs représentés figure 4.7

La représentation sous forme d'histogramme fait perdre l'information spatiale, mais permet de regrouper bon nombre de motifs ayant la même représentation sous cette nouvelle forme. A travers ce choix, les déformations qui n'ont pas été rectifiées correctement par le recalage, de manière très locale, n'auront plus d'impact sur l'analyse effectuée. L'invariabilité entraîne un regroupement de certaines classes, qui permet d'effectuer une analyse plus pertinente. De plus, il devient possible d'effectuer une analyse avec des motifs plus grands, pour un temps de calcul identique.

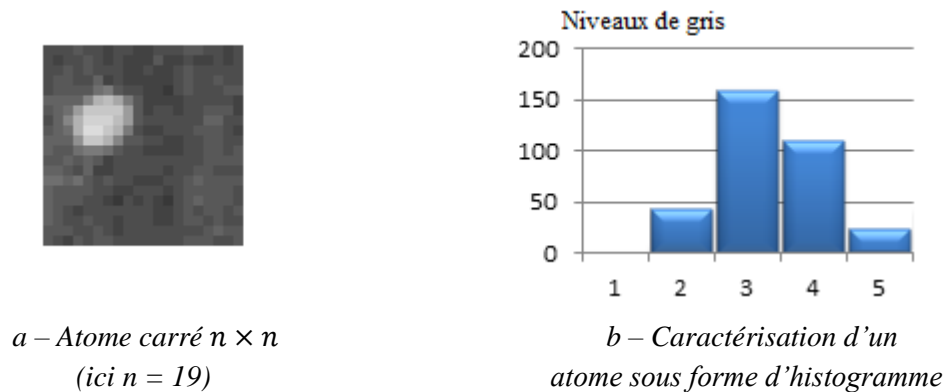


Figure 4.8 – Atomes proposés

Ce choix permettant l'invariabilité par rotation ou tout type de déformation est valide dans la mesure où les motifs choisis sont de l'ordre du millimètre. La taille des atomes carrés, qu'ils soient utilisés tel quels ou traités sous forme d'histogrammes, est une caractéristique importante. L'impact du choix de ces paramètres sera étudié dans la partie expérimentale.

Une fois tout l'ensemble d'apprentissage parcouru, le dictionnaire obtenu contient l'ensemble des constituants des clichés étudiés de manière exhaustive mais avec une structuration en classe au lieu d'avoir une cohérence spatiale. Si le seuil  $\varepsilon$  est petit, le nombre de classes explose, et la simplification de la représentation sera inintéressante à exploiter. A contrario, si  $\varepsilon$  est élevé, le nombre de motifs constituant le dictionnaire sera trop réduit et surtout les différents éléments regroupés entre eux seront trop différents pour être classés ensemble de manière pertinente. De plus, l'approximation sera trop importante et donc le signal analysé à travers un dictionnaire moins riche, il deviendrait impossible d'en extraire des informations intéressantes.

### 4.2.5 Représentants

Un représentant peut être considéré comme « l'étiquette » d'une classe. Le choix du représentant d'une classe de motifs conditionne la qualité de reconstitution du signal, mais correspond également à la représentativité du dictionnaire élaboré. Par exemple, si on utilise la méthode des k-means, chaque classe est naturellement représentée par un "élément moyen", calculé à partir de l'ensemble des éléments de la classe. Cet élément n'est pas obligatoirement le motif central d'une classe, son but est de minimiser l'erreur globale de représentativité. Une telle méthode vise une bonne reproduction des classes peuplées au risque d'avoir localement une forte erreur de reconstitution, sur des atomes très peu représentatifs et pourtant potentiellement importants. Cette approche risque de masquer certaines évolutions marginales à l'échelle de l'image mais tout à fait significatives à l'échelle des tissus. Il faut donc choisir une distance qui permette de contrôler la distance maximum entre un motif de l'EA et l'atome du dictionnaire qui lui est le plus proche, son représentant. Le paramètre fixé dans le processus de classification n'est donc pas le nombre de classes comme pour le k-means, mais la distance entre deux classes. Cette approche permet de garantir la représentativité d'un atome, qui est séparés par une distance inférieure à  $\varepsilon$  de chacun des motifs qu'il regroupe dans sa classe (cf Fig 4.9).

Les représentants sont donc choisis au moment de l'initialisation d'une nouvelle classe. Lorsque qu'un motif  $m_0$  de l'EA a une distance  $d_M$  (voir équation (4.5)) supérieure à un seuil  $\varepsilon$ , une nouvelle classe est créée et étiquetée avec le motif  $m_0$ , qui devient ainsi le représentant, ou atome, de la classe à laquelle il appartient. L'ajout d'atome est arrêté quand tout l'EA a été parcouru.

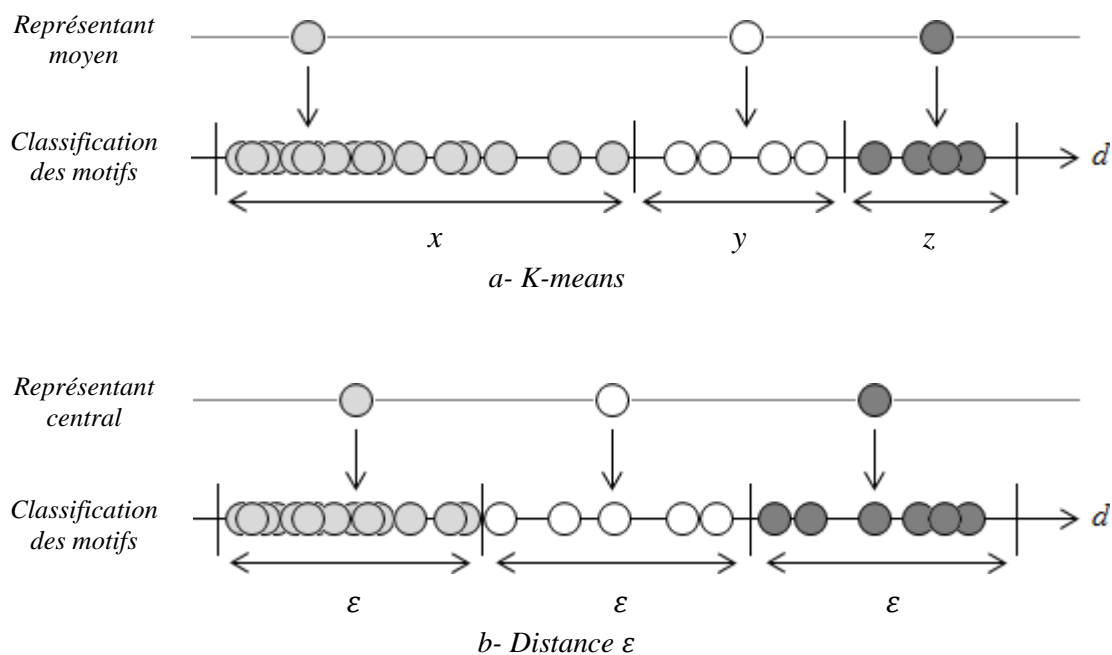


Figure 4.9 – Axes des distances entre motifs

A partir de ce modèle de représentation du contenu des images de référence, la méthode d'analyse conjointe doit permettre de cibler des zones suspectes dans un cliché à traiter. Cette analyse peut s'effectuer localement ou globalement, en fonction de l'échelle permettant de mieux mettre en avant l'information pertinente. Nous avons développé ces deux axes de recherche qui sont détaillés dans le prochain paragraphe.

### 4.3 Analyse d'un couple de mammographies par dictionnaire

Nous allons traiter ici, pour présenter la méthode, le cas d'un "dossier de mammographies", où les images sont traitées sont au nombre de deux. L'image référence I et l'image à traiter J, sont des vues obliques. Elles forment une paire bilatérale ou une série temporelle d'un même sein. Dans toutes les analyses qui suivent, ces deux clichés sont issus d'une même patiente. L'analyse effectuée est donc une analyse monomodale intra-patient par décomposition parcimonieuse du signal.

Dans cette section nous commencerons par considérer une méthode de comparaison globale avant de définir une méthode d'analyse locale. Elles seront comparées dans la partie évaluation. La première méthode compare les motifs constituant l'image J avec les éléments du dictionnaire construit à partir de la première image. L'adéquation du dictionnaire à chaque motif de l'image va déterminer le degré "d'originalité" d'une région. La seconde approche consiste en une comparaison qui s'effectue de manière locale entre zones associées après recalage des images, elle permet de caractériser et localiser une évolution.

#### 4.3.1 Analyse globale

Grâce à la représentation du signal par les atomes représentatifs de l'ensemble d'apprentissage, le cliché à traiter, l'image J, peut être analysé sous un nouvel angle, de manière globale, en mesurant l'adéquation du dictionnaire avec les éléments présents dans l'image J traitée.

A tout point  $p$  positionné en  $(i,j)$  de l'image J, est associé une zone d'influence, son voisinage formant un motif  $m_p$  de taille  $n \times n$ . Tous les motifs de l'ensemble d'apprentissage sont normalisés afin de classer les éléments d'après la dynamique des niveaux de gris, et non la luminosité moyenne. Le dictionnaire regroupant les motifs représentatifs, appelés atomes, est initialisé avec le motif le plus uniforme, représentant une classe d'éléments pauvres en information, à regrouper. Il est possible de comparer en tous points les motifs  $m$  constituant l'image J et les atomes du dictionnaire. La distance entre  $m_p$  et le dictionnaire est calculée et on associe au point  $p$  l'atome  $a^p$  qui lui est le plus proche pour recomposer le signal, le plus proche selon  $d_M$  (équation (4.6)) ou  $d_H$  (équation (4.7)) afin d'inclure une invariabilité à la position des pixels dans le motif ou non. La valeur de cette distance est notée  $d_A$  et associée à l'atome  $a^p$  du dictionnaire, la différence soit pixel à pixel des niveaux de gris, soit classe à classe du nombre d'éléments de l'histogramme.

$$d_A(m_p, D) = \min_{a_k \in D} \sum_{i,j} |m_p(i,j) - a_k(i,j)| \quad (4.8)$$

$$\text{ou} \quad d_A(m_p, D) = d_H(m_p, a^p) \quad (4.9)$$

$$\text{avec } p \text{ tel que} \quad a^p = \arg \min_{k/a_k \in D} \sum_{i,j} |m_p(i,j) - a_k(i,j)|$$

Plus la distance entre l'atome  $a^p$  et le motif  $m_p$  est importante, plus le motif  $a^p$  est atypique selon le dictionnaire constitué jusqu'alors, et donc potentiellement anormal (Fig. 4.10). Cette analyse permet d'élaborer une cartographie des zones potentiellement anormales de l'image  $J$  pixel  $p$  par pixel  $p$ . La méthode permet la visualisation de la cartographie des régions suspectes de l'image  $J$ . Les régions jugées comme sûres apparaissent en foncé, les zones ayant potentiellement évolué en clair. La fonction  $g$  permettant d'élaborer la cartographie est la suivante :

$$g(i, j) = \frac{d_A(m(i, j), D) \times nb(ndg)}{\max d_A(M, D)} \quad (4.10)$$

avec  $nb(ndg)$ , le nombre de niveaux de gris souhaité pour la cartographie, et  $\max d_A(M, D)$  la distance maximale entre un motif de l'image  $J$  traitée et le dictionnaire  $D$ .

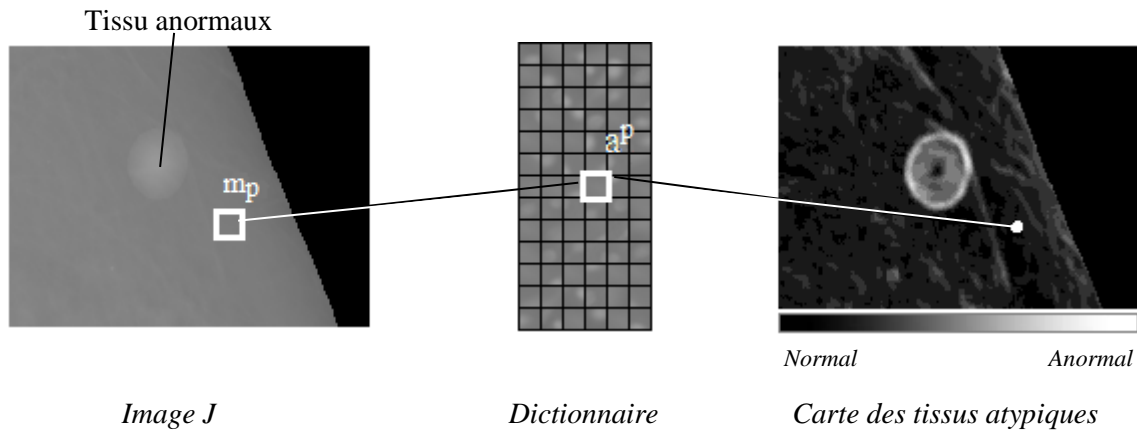


Figure 4.10 – Comparaison globale d'images

Cette méthode mesure l'originalité d'un motif en comparaison de l'ensemble d'apprentissage utilisé pour élaborer le dictionnaire. Elle compare un signal à une base d'éléments constitutifs donnée.

Cette méthode globale ne tient pas compte de la position d'un pixel  $p$  analysé lors de la recherche de l'atome correspondant dans le dictionnaire. Cette méthode est donc indépendante du recalage que nous avons introduit dans la première partie de la thèse, mais dépend seulement des déformations locales qui ont pu modifier les zones d'influence autour des pixels. Le recalage permet l'utilisation de traitements plus précis, utilisant la nouvelle décomposition du signal de manière locale. Cette nouvelle approche, incluant une comparaison locale des mammographies, permettra ainsi d'évaluer l'impact du recalage sur l'analyse conjointe de mammographies.

### 4.3.2 Analyse locale

L'objectif de notre étude est de détecter une évolution tissulaire et de la localiser. Pour cela nous allons effectuer une comparaison région à région. Pour ce faire, il faut dans un

premier temps que les mêmes tissus dans les différents clichés aient la même position sur les images. L'analyse conjointe des clichés doit donc être nécessairement précédée d'une étape de recalage, étude présentée dans le chapitre 3 (cf Fig 4.11). Une fois recalée, l'analyse conjointe région à région peut être entreprise.

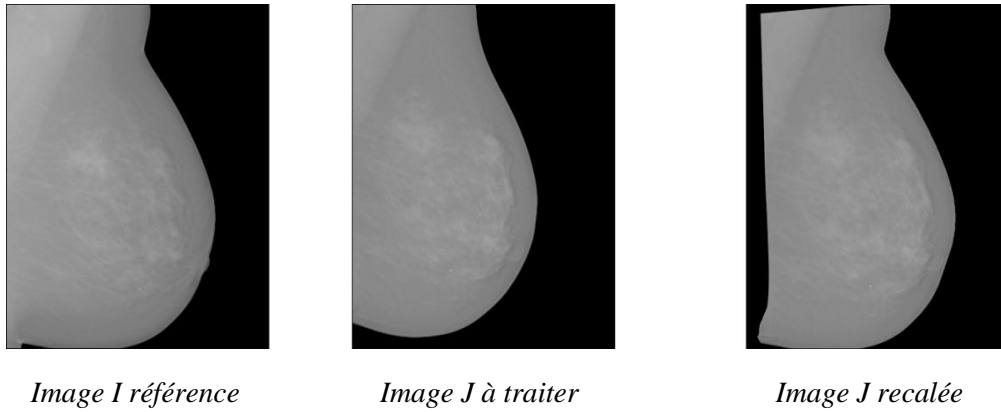


Figure 4.11 – Recalage d'une mammographie [Bou10]

Dans cette approche, l'échelle d'observation n'est pas la même que dans la méthode précédente. L'échelle de comparaison n'est plus le motif seul, mais des régions  $Z$ , plus grandes, contenant chacune un ensemble de motifs qui vont caractériser  $Z$  grâce à sa composition. Chaque zone de taille  $w \times w$  contient  $w^2$  motifs, centrés aux points de coordonnées  $(i,j) \in Z$ , en tout point de  $Z$ . Les motifs se chevauchent donc. Le résultat de la comparaison des zones  $Z_I$  et  $Z_J$ , toutes deux centrées aux coordonnées  $(i,j)$ , sera retranscrit à ces coordonnées sur la cartographie des évolutions tissulaires.

Le dictionnaire est élaboré de la même manière que de l'approche globale (voir section 4.2.2), mais l'analyse ne s'effectue plus sur l'ensemble de l'image, mais sur des régions plus restreintes. L'évolution peut ainsi être évaluée pour une région de comparaison  $Z_J$  donnée. En sachant que cette région correspond à la région  $Z_I$  dans l'image traitée, l'analyse ne s'effectue plus sur l'adéquation d'un motif avec la globalité de l'image, mais sur une portion plus localisée de l'image, permettant de caractériser un ensemble de tissus. La taille optimale de cette zone  $Z$  sera évalué dans la section "4.4.4 - Les paramètres de l'analyse".

La décomposition du signal pour une région de comparaison  $Z$  donnée s'effectue grâce à l'analyse de zones d'influence (les motifs) avec chevauchement. Il s'agit de comparer deux représentations de la zone  $Z$ . La représentation du signal dans une zone  $Z$  donnée, noté  $S_Z$ , dépend de la décomposition de  $Z$  en fonction d'un dictionnaire. Cela se traduit donc par la recherche d'un dictionnaire  $D$  d'atomes  $a_k$ , qui permet de décomposer "au mieux"  $S$  par :

$$S = \bigoplus_{(i,j) \in E} f(i,j) \cdot \delta_{(i,j)} \approx \bigoplus_{(i,j) \in E} Z_{k(i,j)} \cdot \delta_{(i,j)} \quad (4.11)$$

où  $Z_{k(i,j)}$  est la zone de l'image centrée en  $(i,j)$ .



Pour deux zones  $Z_I$  et  $Z_J$  que l'on souhaite comparer, issues des images  $I$  et  $J$ , l'analyse portera sur les distributions  $h_{Z_I}$  et  $h_{Z_J}$ .

Comme pour l'élaboration du dictionnaire, la distance séparant un motif traité de l'atome qui lui est le plus proche dans le dictionnaire, qui permet de classer les motifs en classes, peut être choisie égale à  $d_A$  (équation (4.4)), représentant la distance pixel à pixel entre motifs, ou à  $d_H$  (équation (4.5)), la distance entre histogrammes échantillonnés des niveaux de gris des motifs.

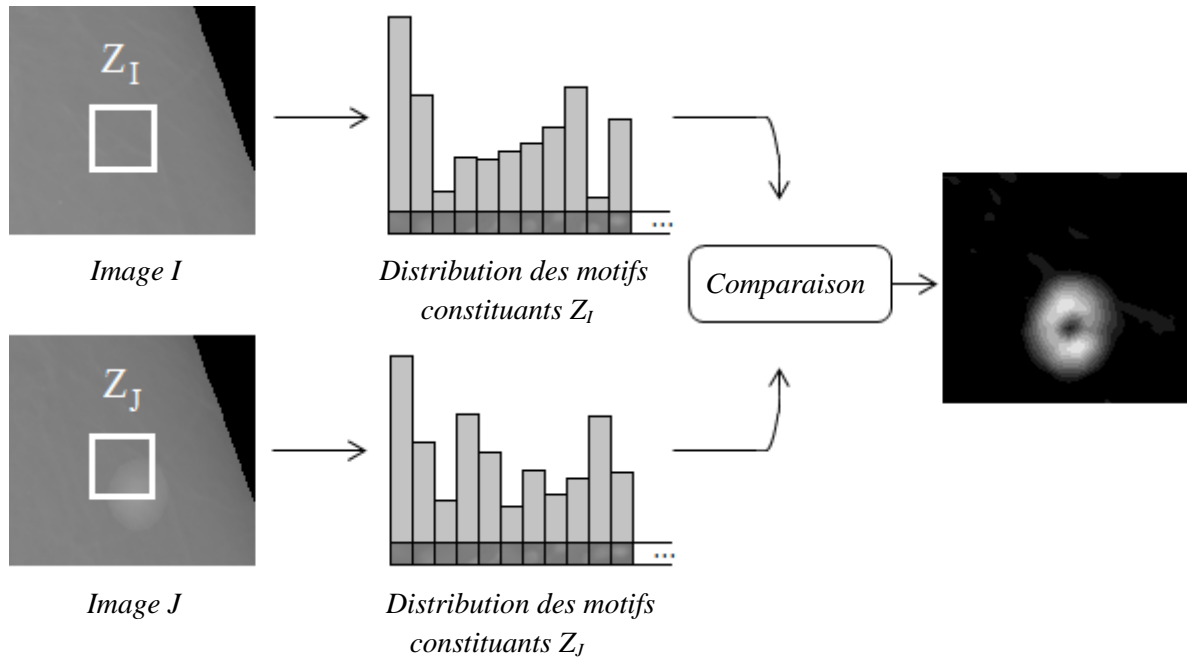


Figure 4.12 – Analyse d'une région  $Z$  dans un couple de mammographies recalées

La distance permettant de constituer la cartographie des zones ayant évolué n'est plus fondée sur une différence entre motifs, mais sur une distance entre deux distributions. Le calcul de cette distance est spécifique à cette problématique. Il existe un grand nombre de distances entre deux distributions. La notion de distance entre histogrammes est souvent solutionnée par une intersection d'histogrammes [Swa91] ou une distance entre histogrammes cumulés [Str95]. Ces notions ne permettent pas de faire ressortir qu'une classe vide devient non vide, surtout dans le cas où elle reste peu peuplée. La distance choisie est issue du calcul de distances entre distributions. Nous avons choisi d'adapter le test statistique  $\chi^2$ , test déterminant si deux distributions peuvent être issues de la même distribution de probabilités.

Pour deux régions  $Z_I$  et  $Z_J$ , soit  $h_{Z_I}$  et  $h_{Z_J}$  les histogrammes de la décomposition de ces régions, la distance  $d_Z$  est définie par :

$$d_Z(Z_I, Z_J) = \sum_i \frac{|h_{Z_I i} - h_{Z_J i}|}{\min(\delta_{Z_I i}; \delta_{Z_J i})} \quad (4.12)$$

Ainsi, si une région de l'image I est définie par une certaine composition en éléments constitutifs, les anomalies et les évolutions tissulaires de l'image J dans cette même région (apparition de tissus originaux ou évolution de la représentativité de certaines classes) sont caractérisées par une distance  $d_Z$  élevée. Cette distance est assignée au point central  $p(i,j)$  de la région Z. L'opération est effectuée pour chaque région Z centrée en un point de coordonnées  $(i,j)$  appartenant au sein dans l'image J. Tout comme pour les motifs qui les composent, il y a chevauchement des régions Z. Cela permet d'obtenir une valeur  $d_Z$  pour chaque coordonnée  $(i,j)$  de l'image J. On obtient ainsi une cartographie de l'évolution des zones constituant l'image définie par la fonction g :

$$g(i,j) = d_Z(Z_I(i,j), Z_J(i,j)) \quad (4.13)$$

Cette distance met en avant les évolutions, même mineures, pour les classes peu peuplées, ainsi que les évolutions majeures dans la portion Z du signal. Cela permet de remarquer un petit changement qui caractériserait l'apparition d'un nouveau type de tissus dans cette région, sans bruiteur le résultat en effectuant l'analyse à partir de la classification d'un nombre trop restreint de motifs, ou dans un ensemble trop grand, où une modification trop localisée sera noyée par le reste des tissus n'ayant pas évolué.

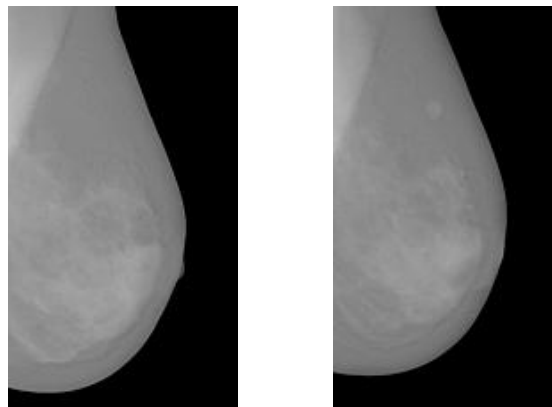
Le principal paramètre de cette méthode est le choix de la taille des régions. Cette dernière dépend du phénomène que l'on souhaite observer, mais également du majorant de l'erreur de recalage si cette dernière valeur est connue. En effet si l'image J n'a pas été convenablement déformée pour se superposer au cliché I, les évolutions repérées seront le signe du mauvais repositionnement des tissus, et non de leur changement. D'autres paramètres ont leur importance. La méthodologie d'évaluation de ces paramètres est donnée dans la section suivante. Les résultats obtenus pour ces valeurs fixées des paramètres sur l'ensemble d'évaluation du CAD sont donnés en section 4.5.

## 4.4 Méthodologie d'évaluation et validation des paramètres

Dans cette section, notre objectif est de paramétrer de manière optimale les méthodes. Après avoir précisément défini la base d'images étudiée, puis le modèle d'évaluation et de validation des paramètres, la section 4.4.4 regroupe la partie expérimentale concernant l'estimation des valeurs optimales.

### 4.4.1 Base d'images utilisée

La base d'images utilisée est composée de 68 paires de mammographies en vue oblique (MLO). Ces paires sont séparées en deux groupes, un groupe de 34 paires de validation est utilisé pour fixer les paramètres, présenté dans cette section, et un groupe de 34 paires d'évaluation de la méthode, section "4.5 - Evaluation des méthodes proposées". Chaque paire est constituée d'une série temporelle de deux clichés, pour lesquels les acquisitions sont espacées d'un an. Les mammographies sont bien entendu des mammographies numériques ( $1914 \times 2294$  pixels, avec une résolution de 1 pixel = 0.094mm). Une série temporelle est illustrée figure 4.13.



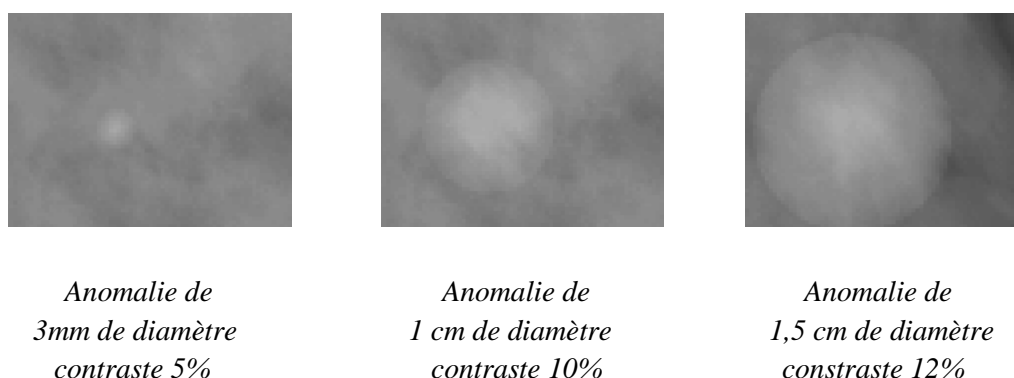
*Figure 4.13 – Exemple d'une série temporelle de clichés  
(sein gauche en vue MLO)*

### 4.4.2 Anomalies pour l'évaluation

Dans le cadre de cette évaluation, le but est de détecter tout type d'évolution. Les cas de dégénérescence mais également les rémissions, ou l'absence d'évolution, doivent être évalués. Afin de mesurer la robustesse de notre approche, il faut également éprouver notre méthodologie avec des anomalies de différentes tailles et évoluant différemment. Au-delà de la variété des cas à étudier, les annotations humaines ont une reproductibilité limitée, qui ne permettent pas d'avoir une vérité terrain absolue. Afin de maîtriser tous ces paramètres, les

anomalies servant à effectuer l'évaluation seront dans un premier temps des anomalies de synthèse introduites dans des images réelles.

Les anomalies de synthèse (bruit gaussien de faible amplitude dans une zone ciblée) ont été modélisées en utilisant les caractéristiques des anomalies étudiées par Burgess [Bur01]. Ses travaux définissent la loi de Burgess, loi qui stipule que le contraste d'une anomalie doit augmenter pour une anomalie plus grande (ou que le contraste diminue pour une plus petite) pour conserver une détectabilité constante. Cette loi permet de fixer un seuil de détectabilité. Une petite anomalie peut donc être détectable même avec une différence lumineuse de faible amplitude, alors qu'une grosse anomalie nécessitera un contraste plus grand.



*Figure 4.14 – Anomalies synthétiques de détectabilité constante suivant la loi de Burgess*

La détectabilité par notre méthodologie de ces anomalies respectant la loi de Burgess est évaluée en Annexe 2. Ces résultats permettent de démontrer que ce seuil de détectabilité par l'œil humain correspond également au seuil de détectabilité pour notre méthodologie.

Le rapport diamètre/contraste des anomalies synthétiques va être utilisé pour évaluer l'apport des différentes méthodes à l'aide de deux types d'évolutions correspondant à l'apparition d'un phénomène nouveau et à l'évolution d'un phénomène déjà existant. Dans le cadre de la détection d'une apparition suspecte, le contraste du bruit est fixé à 10% du spectre lumineux appliqué à un disque de 1 cm de diamètre, cette zone est appelée *Rt*. Pour simuler une évolution, la taille de l'anomalie de l'image 1 sera de 3mm pour une amplitude de 5%. L'anomalie de l'image 2 sera de 1,5cm pour 12% d'amplitude. La détection d'une évolution sera évaluée dans les deux sens (rémission image I = image 2, image J = image 1 ; dégénérescence : image I = image 1, image J = image 2).

### 4.4.3 Modèle d'évaluation

Afin d'obtenir une évaluation quantitative des deux méthodes, différentes mesures entre zone *Rt* et zones qualifiées de zones à risque sont calculées :

- le nombre de pixels de  $R_t$  ( $PR$ ),
- le nombre de pixels n'appartenant pas à  $R_t$  ( $NR$ ),
- le nombre de pixels classés comme anormaux et appartenant à l'anomalie synthétique ( $VP$ ),
- le nombre de pixels classés comme anormaux et appartenant à une zone normale ( $FP$ ),
- le nombre de pixels classés comme normaux et appartenant à une zone normale ( $VN$ ),
- le nombre de pixels classés comme normaux et appartenant à l'anomalie ( $FN$ ),

Ces mesures sont utilisées pour calculer le rappel, la précision et le pourcentage de l'image que l'expert devra vérifier. En effet, pour un CAD, même si une tache de 1cm de diamètre est détectée avec beaucoup d'autres régions en plus, s'il ne reste que 10% de l'image à vérifier par l'expert, le gain de temps reste très intéressant.

$$\text{Rappel :} \quad VP/PR \quad (4.14)$$

$$\text{Précision :} \quad VP/(VP + FP) \quad (4.15)$$

$$\text{Pourcentage éliminé :} \quad VN/(PR + NR) \quad (4.16)$$

Le pourcentage de l'image éliminé par le CAD représente la proportion de travail réalisée automatiquement pour l'expert. Ces régions sont notées  $R_s$ . Il est important de noter que, dans le contexte de CAD, le taux de rappel et le pourcentage de l'image éliminé sont privilégiés par rapport au taux de précision.

Nous ne donnerons pas de *F-mesure* car elle n'inclut pas la mesure de la zone sûre supprimée par nos méthodes. Il faut élaborer une mesure prenant en compte le rappel ( $R$ ), la précision ( $P$ ) et la portion de l'image déclarée comme sûre ( $R_s$ ). Ces trois valeurs sont comprises entre 0 et 1, 0 étant la moins bonne valeur et 1, la meilleure. En se basant sur la *F-mesure*, nous proposons ici une *P2R-mesure* (pour Rappel -  $R_s$  - Précision). La *F-mesure*, rapport entre la moyenne géométrique et la moyenne arithmétique, est rappelée en (4.17). La généralisation de cette mesure à 3 critères est la *P2R-mesure* présentée en (4.18).

$$F_{measure\beta} = \frac{(1 + \beta^2) \cdot (P \cdot R)}{(\beta^2 \cdot P) + R} \quad (4.17)$$

avec  $\beta$  un réel positif :

si  $\beta = 1$ ,  $P$  et  $R$  ont le même poids,

si  $\beta > 1$  le rappel a un poids plus lourd,

si  $\beta < 1$ , la précision a un poids plus lourd.

$$P2R_{\alpha,\beta} = \frac{(1 + \alpha^2 + \beta^2) \cdot (P \cdot R \cdot R_s)}{(\alpha^2 \cdot P) + (\beta^2 \cdot R) + R_s} \quad (4.18)$$

avec  $\alpha$  et  $\beta$ , deux réels positifs :

si  $\alpha = 1$  et  $\beta = 1$ ,  $P$ ,  $R$  et  $R_s$  ont le même poids,

si  $\alpha > 1$ , le poids de  $P$  diminue,

si  $\alpha < 1$ , le poids de  $P$  augmente,

si  $\beta > 1$ , le poids de  $R$  diminue,

si  $\beta < 1$ , le poids de  $R$  augmente.

Nous rappelons ici que la précision nous semble être un facteur moins important que le rappel (pourcentage de l'anomalie détectée) ou  $R_s$  (pourcentage de l'image que l'expert n'a plus à vérifier). Nous utiliserons donc comme pondération  $\alpha = 2$  et  $\beta = 1$ .

#### 4.4.4 Les paramètres de l'analyse

Cette section regroupe les estimations expérimentales des valeurs optimales des paramètres. Dans notre cadre applicatif, les résultats obtenus correspondent à l'analyse conjointe de mammographies. Dans le cadre d'une comparaison d'une autre catégorie d'images, ces évaluations devraient être réalisées à nouveau pour adapter le choix au type de données. La méthode créée est ainsi fortement adaptative.

Les paramètres sont évalués à partir d'une base de validation afin de calibrer les méthodes. Les images et tissus étudiés étant les mêmes pour la méthode globale et la méthode locale, nous faisons le choix de valider les paramètres à l'aide de l'analyse locale. L'ordre de validation de ces paramètres ne tient pas du hasard. Les paramètres sont évalués par ordre décroissant d'importance. Les paramètres liés aux atomes/motifs ont une grande importance. Le fait que la distance entre atomes/motifs inclut ou non l'organisation des pixels au sein de ces entités est fondamental. Viennent ensuite la taille de ces éléments et la distance séparant deux classes. Dans le cadre de l'analyse locale, la taille des régions de comparaison  $Z$  dépend grandement de la taille de l'élément de base de la représentation, et est donc évalué après celui-ci. Enfin vient le choix de l'ensemble d'apprentissage ( $I$  ou  $I \cup J$ ). Ce choix est important mais d'un autre ordre.

Afin d'obtenir des résultats lisibles, nous faisons le choix d'évaluer les paramètres un à un en fixant tous les autres. Les mesures effectuées pour évaluer le résultat sont le rappel (4.14), la précision (4.15), la proportion de l'image n'ayant plus à être analysée par l'expert (4.16), et le  $P2R$ , regroupant l'ensemble de ces mesures (4.18).

### Choix de la distance entre motifs

Ce paramètre correspond au degré d'invariabilité spatiale des distances utilisées pour classifier les atomes/motifs. Au cœur de cette décomposition, ce paramètre conditionne la classification et le degré de parcimonie de la solution proposée. La représentativité et la logique de regroupement dépendent de ce choix. Une zone de quelques pixels de côté de l'image nécessite-t-elle que l'on considère l'organisation de ses constituants ?

La distance séparant les motifs peut soit prendre en compte la position des pixels (distance explicitée dans l'équation (4.5)), soit comparer la composition en niveaux de gris des éléments, sans prendre en compte leur agencement (distance explicitée en (4.6)). Ce point est détaillé dans la section "4.2.4 – Classification".

	R	P	R <sub>s</sub>	P2R
Pas d'invariance	0,74	0,53	0,99	0,61
Invariance spatiale	0,99	0,76	0,99	0,89

Tableau 4.1 – Evaluation de l'impact de l'invariance spatiale  
Méthode globale,  $\text{taille}(\text{motifs/atomes})=19$ ,  $\varepsilon=0,03$ ,  $\text{taille}(Z)=51$ ,  $EA = I \cup J$

Les résultats du tableau 4.1 obtenus à partir du groupe de validation montrent clairement que, pour tous les autres paramètres fixes, le fait de ne pas considérer l'organisation des pixels dans les atomes/motifs, mais uniquement leur composition, donne une analyse plus pertinente. Ce résultat semble démontrer que la constitution des éléments de base, est plus pertinente dans le cadre de l'analyse conjointe de mammographies, que leur description 2D classique, avec ordonnancement.

## Taille des atomes/motifs

Ce paramètre fixe la taille de ce qui est une entité constituante pour notre système, suivant le modèle élaboré dans la section "4.2.2 – Construction du dictionnaire". La méthodologie présentée est fondée sur l'hypothèse qu'une analyse effectuée à l'échelle du pixel n'est pas porteuse de suffisamment d'information. La taille de l'ensemble à traiter est déterminée grâce à l'évaluation effectuée dans cette section. En plus de la mesure  $P2R$ , le temps de calcul a été mesuré afin de déterminer quelle paramétrisation donnait la meilleure efficacité (cf Fig. 4.15). Les mesures permettant d'obtenir le  $P2R$  (rappel, précision, et zone restant à examiner) sont fournies en "Annexe 3 – Détail de l'évaluation des paramètres de l'analyse conjointe".

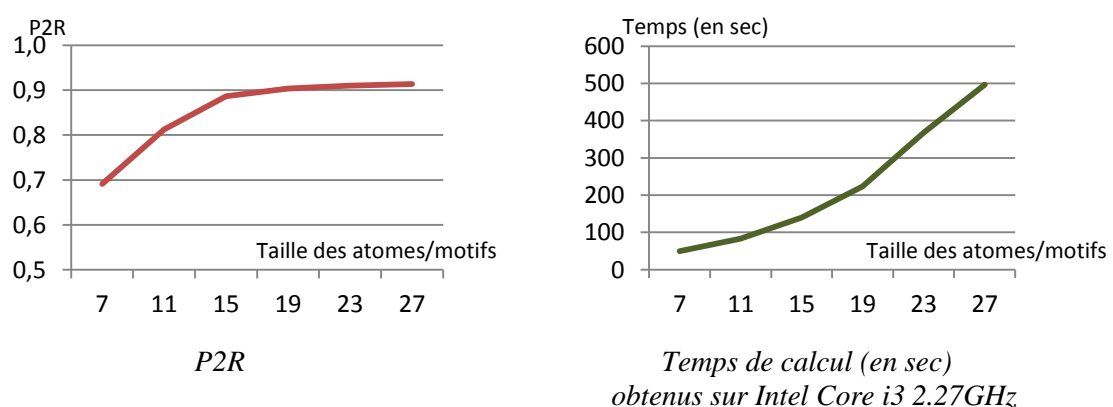


Figure 4.15 – Evaluation du paramètre  $\text{taille}(\text{atomes/motifs})$   
Méthode locale, invariance spatiale,  $\varepsilon=0,03$ ,  $\text{taille}(Z)=51$ ,  $EA = I \cup J$

Ces résultats montrent que l'analyse s'améliore avec la taille du motif utilisée. L'amélioration étant de plus en plus faible, le temps de calcul est un facteur à prendre en

compte. Afin de conserver un bon rapport précision/temps de calcul, la taille des atomes/motifs est fixée à 19 pixels (5mm), permettant d'obtenir 99,5% du  $P2R$  des évaluations effectuées avec des atomes plus grands, qui prennent deux fois plus de temps (voir résultats détaillés en annexe 3).

## Distance entre atomes/motifs

Le paramètre  $\varepsilon$  représente le seuil délimitant deux classes de motifs (introduit dans la section "4.2.4 – Classification"). Après avoir évalué la taille optimale des motifs, la distance séparant deux classes permet de régler la précision du dictionnaire et le nombre d'éléments de ce dernier. Le temps de calcul est pris en compte car l'évolution de ce paramètre peut rapidement faire augmenter le nombre d'atomes du dictionnaire, et ainsi rendre plus long l'ensemble du processus d'analyse. Les mesures permettant d'obtenir le  $P2R$  (rappel, précision, et zone restant à examiner) sont fournies en "Annexe 3 – Détail de l'évaluation des paramètres de l'analyse conjointe".

La figure 4.16 montre que les résultats évoluent peu selon la valeur de ce paramètre. Ce résultat s'explique par la méthode d'élaboration du dictionnaire, suffisamment discriminante pour séparer les classes les plus dissemblables même avec un nombre de classes réduit. En revanche, le temps de calcul augmente avec le nombre de classes. Le résultat n'évoluant plus pour  $\varepsilon \leq 0,03$ ,  $\varepsilon$  est donc fixé à 0,03. Pour cette valeur, dix atomes en moyenne composent le dictionnaire. On peut remarquer que faire augmenter ce nombre n'améliore pas le résultat. La décomposition testée semble donc fortement parcimonieuse.

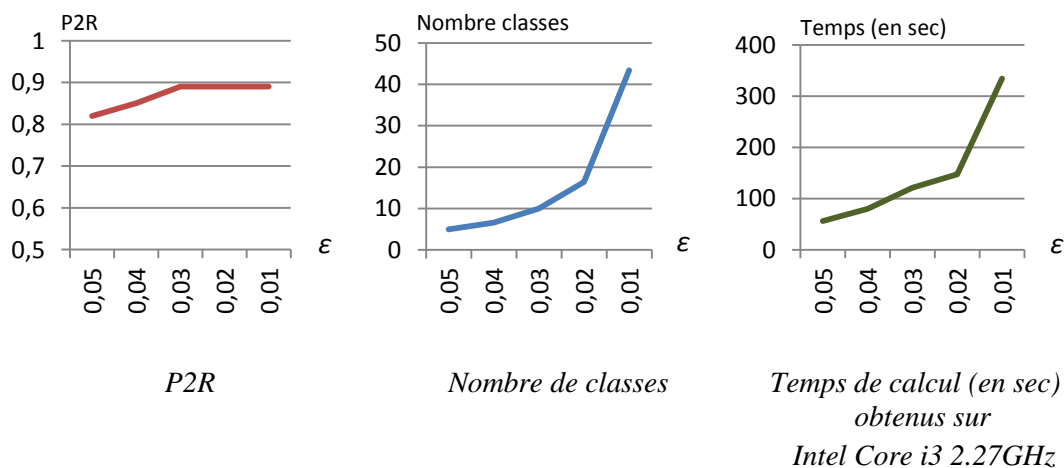


Figure 4.16 – Evaluation du paramètre  $\varepsilon$   
Méthode locale, invariance spatiale, taille(motifs/atomes)=19, taille(Z)=51,  $EA = I \cup J$



## Taille des régions Z

Les régions de comparaison de la méthode locale, notées Z, sont décrites dans la section "4.3.2 – Analyse locale". Après avoir fixé les autres paramètres, nous faisons varier la taille de cette zone afin de déterminer la taille la plus pertinente.

En plus de la mesure  $P2R$ , le temps de calcul est mesuré afin de déterminer le meilleur rapport précision du résultat/temps. Les mesures permettant d'obtenir le  $P2R$  (rappel, précision, et zone restant à examiner) sont fournies en "Annexe 3 – Détail de l'évaluation des paramètres de l'analyse conjointe".

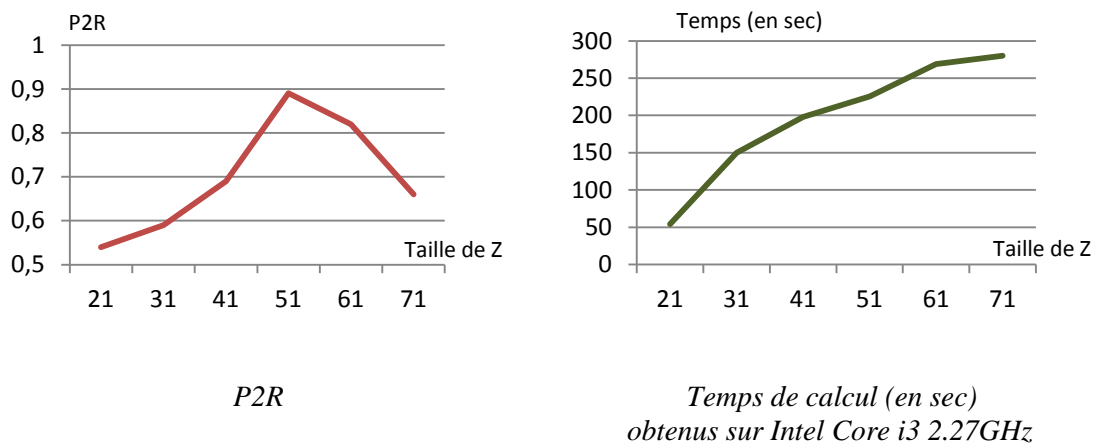


Figure 4.17 – Evaluation du paramètre  $\text{taille}(Z)$   
*Méthode locale, invariance spatiale,  $\text{taille}(\text{motifs/atomes})=19$ ,  $\varepsilon=0,03$ ,  $EA = I \cup J$*

La figure 4.18 ci-dessous illustre les différentes cartographies obtenues pour trois paramétrages donnés. Cette visualisation de la cartographie permet de mieux comprendre les résultats retranscrits en figure 4.17. En effet, on observe que pour une zone Z trop petite, le nombre de motifs contenus dans une zone étant limité, l'information statistique, qui se fonde sur une classification utilisant moins d'éléments, donne de moins bons résultats qu'avec une taille de Z intermédiaire, contenant davantage de motifs. De plus cette évolution peut s'expliquer par l'erreur résiduelle de positionnement des tissus. En effet, même après une étape de recalage, un léger décalage peut subsister, et peut être compensé par une taille de fenêtre d'analyse plus grande. *A contrario*, si la taille devient trop importante, l'évolution recherchée est mélangée à trop de tissus n'ayant pas évolué, et la différence de distribution de  $Z_I$  et  $Z_J$  est plus faible.

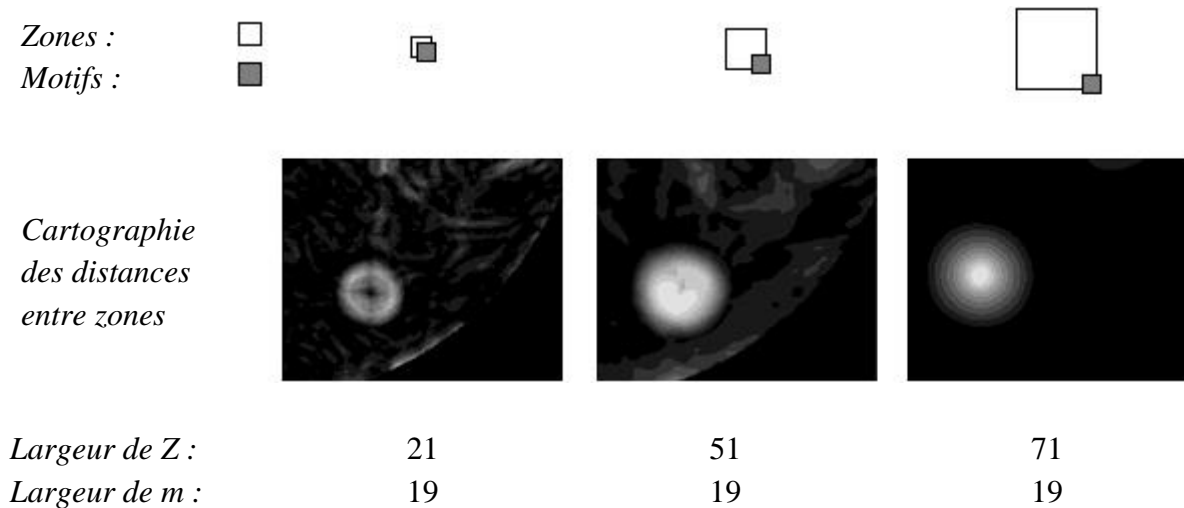


Figure 4.18 – Rapport entre taille de la zone Z et précision de la cartographie obtenue

Les résultats obtenus montrent qu'une taille fixée à 51 pixels donne les meilleurs résultats. Pour les petites tailles de Z, le P2R s'améliore lorsque la taille de la fenêtre augmente car les limites du recalage nécessitent une certaine souplesse (cf section "3.5 - Conclusions et observations en vue de l'analyse des images traitées"). Lorsque la taille de Z devient plus importante encore, les évolutions potentielles sont noyées dans le reste de la composition, qui contient davantage de motifs de différents types.

## Ensemble d'apprentissage

L'ensemble d'apprentissage fixe l'ensemble des motifs qui seront étudiés pour constituer le dictionnaire d'atomes représentatifs du signal (voir section "4.2.3 – Ensemble d'apprentissage"). Il a été précédemment établi qu'un EA universel ne permettait pas d'obtenir un dictionnaire suffisamment spécifique au cas traité. Les ensembles d'apprentissage évalués sont donc l'image I pour l'analyse d'une image J (représentant le même sein) ou les images I et J pour l'analyse de J.

	R	P	R <sub>s</sub>	P2R
EA = I	0,99	0,75	0,99	0,88
EA = I ∪ J	0,99	0,76	0,99	0,89

Tableau 4.2 – Evaluation de l'ensemble d'apprentissage  
Méthode globale, invariance spatiale, taille(motifs/atomes)=19,  $\varepsilon=0,03$ , taille(Z)=51

Les résultats montrent une vraie stabilité par rapport au choix de l'EA. Cela s'explique par la forte spécification de l'ensemble d'apprentissage pour le problème traité, et également,

par le fait que les éléments qui constituent les tissus mammaires sont les mêmes sur les deux clichés, exceptées les anomalies, qui sont détectées qu'elles aient été apprises ou non.

## Opération morphologique

Les méthodes de comparaison de mammographies élaborées dans cette thèse produisent des cartes représentant les zones potentiellement anormales dans le sein. Cette cartographie est une image en noir et blanc, le blanc représentant une zone à vérifier par l'expert, et le noir une zone sûre (comme l'illustre la figure 4.19). Une telle analyse, quel que soit le choix des paramètres, contient toujours un certain nombre de faux positifs, pouvant par exemple être dus à une légère imprécision du recalage. Afin de réduire l'impact de ces erreurs de détection, une opération morphologique appliquée à la cartographie peut permettre de lisser le résultat obtenu.

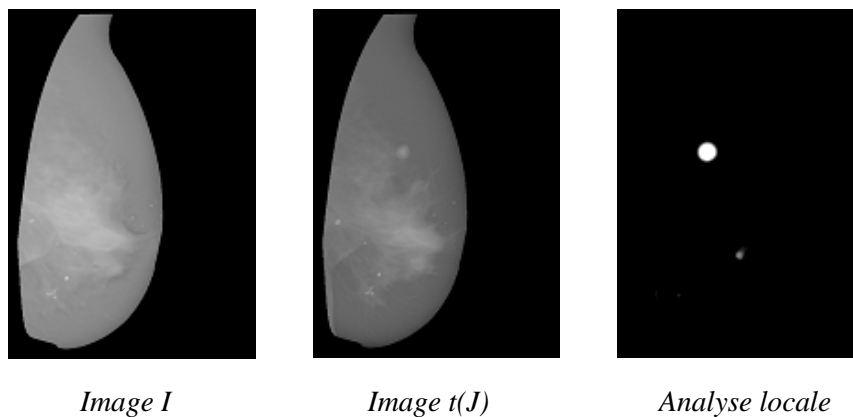


Figure 4.19 - Exemple de cartographie obtenue par analyse locale des régions potentiellement anormales sur des mammographies où une anomalie synthétique a été ajoutée

Deux opérations sont évaluées. L'opération 1 est une fermeture suivie d'une ouverture par un élément structurant de l'ordre du millimètre afin d'évaluer la cartographie en ayant comblé les failles et trous dans la cartographie. L'opération 2 est une ouverture suivie d'une fermeture afin d'évaluer la cartographie après avoir supprimé les points isolés sur la cartographie. Les chiffres obtenus sont regroupés dans le tableau 4.5.

	R	P	R <sub>s</sub>	P2R
Sans morphologie	0,99	0,76	0,99	0,89
Opération 1	0,99	0,78	0,99	0,90
Opération 2	0,99	0,75	0,99	0,88

Tableau 4.3 –Evaluation de morphologie

Méthode globale, invariance spatiale, taille(motifs/atomes)=19,  $\varepsilon=0,03$ , taille(Z)=51

Les résultats obtenus montrent clairement qu'une opération morphologique n'apporte aucune amélioration. La méthodologie appliquée produit une cartographie des évolutions naturellement floues, et donc une morphologie ne parvient pas à lisser davantage le résultat. En effet, les chiffres obtenus pour une zone  $Z_1$  de 51 pixels de côté, centrée en un point  $p_1(x,y)$ , seront très proches de ceux obtenus pour une zone  $Z_2$ , centrée en un point  $p_2(x+1,y)$ . Cela découle directement du chevauchement des zones et donc d'un ensemble de motifs ayant peu évolué entre  $Z_1$  et  $Z_2$ .

## Récapitulatif

Ces résultats nous permettent de fixer de manière optimale ces différents paramètres :

- échelle d'analyse locale,
- distance entre atomes incluant l'invariance spatiale,
- taille(motifs/atomes) = 19,
- distance entre atomes/motifs :  $\varepsilon = 0,03$ ,
- taille( $Z$ ) = 51,
- l'ensemble d'apprentissage :  $I \cup J$ ,
- sans morphologie.

Ces paramètres, obtenus grâce à l'ensemble de validation, sont utilisés pour l'évaluation.

## 4.5 Evaluation des méthodes proposées

Les résultats présentés dans les tableaux 4.4 et 4.5, regroupent les résultats obtenus respectivement, avec l'approche globale et locale, en utilisant les paramètres obtenus à partir de la base de validation. Nous avons considéré différentes possibilités d'évolution : la dégénérescence, la rémission, ou l'absence de changement. Ces différentes possibilités sont évaluées à partir des mesures effectuées après avoir introduit, supprimé, ou modifié, une opacité dans les images. Les colonnes Image I et Image J permettent de suivre les évolutions entre les clichés.

### Analyse globale

	Image I	Image J	Rappel	Précision	R <sub>s</sub>	P2R
Dégénérescence	pas de tache	1 tache (1cm)	0,61	0,26	0,93	0,34
	1 tache (0,3cm)	1 tache (1,5cm)	0,65	0,35	0,94	0,43
Rémission	1 tache (1cm)	pas de tache	0,63	0,22	0,93	0,32
	1 tache (1,5cm)	1 tache (0,3cm)	0,64	0,36	0,94	0,43
Pas d'évolution	pas de tache	pas de tache	-	-	0,91	-
	1 tache (1cm)	1 tache (1cm)	-	-	0,90	-

Tableau 4.4 – Evaluation de la détection d'anomalies par analyse globale (après recalage)

### Analyse locale

	Image I	Image J	Rappel	Précision	R <sub>s</sub>	P2R
Dégénérescence	pas de tache	1 tache (1cm)	0,96	0,74	0,99	0,86
	1 tache (0,3cm)	1 tache (1,5cm)	0,97	0,81	0,99	0,90
Rémission	1 tache (1cm)	pas de tache	0,95	0,65	0,99	0,81
	1 tache (1,5cm)	1 tache (0,3cm)	0,97	0,83	0,99	0,91
Pas d'évolution	pas de tache	pas de tache	-	-	0,99	-
	1 tache (1cm)	1 tache (1cm)	-	-	0,99	-

Tableau 4.5 – Evaluation de la détection d'anomalies par analyse locale (après recalage)

A la vue des résultats obtenus, la méthodologie élaborée dans cette thèse permet d'éliminer une grande portion de l'image à analyser, tout en conservant une large proportion de l'anomalie recherchée. Nous notons que la méthode locale obtient des résultats bien plus précis. Cette approche, plus proche des opérations effectuées par les experts en comparant

l'image portion par portion, donne plus de sens à la décomposition, tout en profitant de l'avantage du recalage. La méthode locale permet donc de déterminer pour un couple (I, J) d'images monomodales, si l'image J présente une différence significative avec l'image I, pour une zone donnée. Le fait de mesurer les évolutions au sein d'une zone restreinte apporte une vraie finesse à l'analyse.

Les méthodes élaborées permettent d'apprendre sur un seul dossier, et ne nécessitent pas de dictionnaire pré-appris. On ne se fonde pas sur un *a priori* mais sur ce qui nous est donné à observer. Cela permet d'avoir un dictionnaire toujours adapté, et rapide à construire. Un exemple de dictionnaire est retranscrit en figure 4.20. Dans cet exemple, la méthode inclut l'invariance à la position des pixels, et regroupe les niveaux de gris en 5 classes, chaque atome du dictionnaire est représenté sous la forme d'une suite de cinq cases. Chaque case représentant la cardinalité des classes de niveaux de gris. Le noir représente une classe vide, le blanc une classe regroupant tous les éléments de l'atome. La première case d'un atome représente les niveaux de gris les plus foncés, la dernière case la tranche des niveaux de gris les plus clairs. Ces atomes regroupent donc des motifs qui ont le même type de composition, le même degré d'uniformité dans la répartition des luminosités qui les composent.

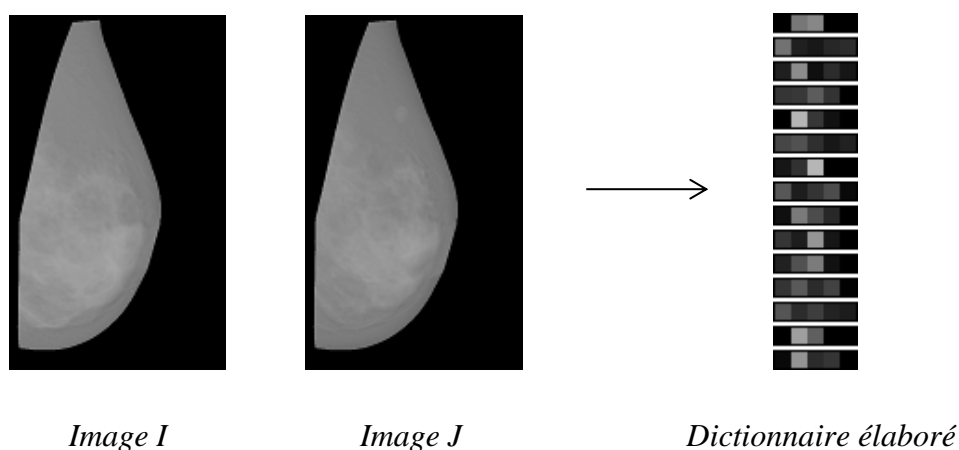


Figure 4.20 – Exemple de dictionnaire élaboré à partir des paramètres évalués pour l'analyse conjointe de mammographies

L'invariance spatiale est le second paramètre qui permet d'enrichir l'analyse. Bien qu'éliminant de l'information (perte de l'organisation des pixels au sein d'un motif), les classes produites sont plus pertinentes. Cela s'explique dans un premier temps par la compression du dictionnaire du fait de l'invariabilité créée. Ce dernier est alors plus efficace car les motifs identiques à une transformation près sont regroupés. Ce résultat tend également à montrer, que pour de petits ensembles, et pour le type de texture traitée, l'agencement a moins d'importance que la composition.

Le dernier facteur crucial est la taille des éléments permettant l'analyse. La taille des atomes/motifs et des régions de comparaison Z doit être adaptée au type de tissus et à l'échelle d'acquisition. Ces paramètres doivent donc être appris pour chaque type d'images

traitées afin d'obtenir le meilleur calibrage possible. Les autres paramètres ont peu d'impact pour les raisons énoncées dans la section 4.4.3.

Au-delà de la méthodologie d'analyse conjointe, c'est l'ensemble du CAD élaboré qui est évalué dans ce résultat. La même évaluation a été menée sans effectuer de recalage entre les clichés. Les résultats obtenus sont retranscrits dans les tableaux 4.6 et 4.7. Ils montrent des résultats relativement stables en comparaison de l'analyse comprenant une étape de recalage, bien que la précision diminue dans certain cas.

Ces résultats sont donnés en pourcentage. La valeur  $V$  retranscrite, traduit l'évolution du résultat lorsque l'on passe de la méthode incluant le recalage, à celle qui ne l'inclut pas. Soit  $V_A$  et  $V_S$ , les valeurs, respectivement avec et sans le recalage. Les pourcentages des tableaux 4.6 et 4.7 sont obtenus grâce à la formule suivante :

$$V = \frac{V_A - V_S}{V_S} \quad (4.19)$$

### Analyse globale

	Image I	Image J	Rappel	Précision	$R_S$	P2R
Dégénérescence	pas de tache	1 tache (1cm)	+3%	-3%	$\pm 0$	$\pm 0$
	1 tache (0.3cm)	1 tache (1.5cm)	-2%	-6%	$\pm 0$	-4%
Rémission	1 tache (1cm)	pas de tache	-2%	+8%	$\pm 0$	+3%
	1 tache (1.5cm)	1 tache (0.3cm)	$\pm 0$	-8%	$\pm 0$	-5%
Pas d'évolution	pas de tache	pas de tache	-	-	$\pm 0$	-
	1 tache (1cm)	1 tache (1cm)	-	-	$\pm 0$	-

Tableau 4.6 – Effet du recalage sur la détection d'anomalies par analyse globale

### Analyse locale

	Image I	Image J	Rappel	Précision	$R_S$	P2R
Dégénérescence	pas de tache	1 tache (1cm)	-6%	-12%	$\pm 0$	-10%
	1 tache (0.3cm)	1 tache (1.5cm)	$\pm 0$	$\pm 0$	$\pm 0$	$\pm 0$
Rémission	1 tache (1cm)	pas de tache	-6%	-9%	$\pm 0$	-9%
	1 tache (1.5cm)	1 tache (0.3cm)	+3%	-5%	$\pm 0$	-1%
Pas d'évolution	pas de tache	pas de tache	-	-	$\pm 0$	-
	1 tache (1cm)	1 tache (1cm)	-	-	$\pm 0$	-

Tableau 4.7 – Effet du recalage sur la détection d'anomalies par analyse locale

Même si les résultats sont proches de ceux obtenus après un recalage, cette étape ne doit pas pour autant être considérée comme superflue. En effet, d'autres types d'images, ou d'autres dossiers de mammographies peuvent contenir des clichés dont l'écart entre les tissus est plus important, et qui nécessiteront un recalage pour ne pas passer à côté d'une information visible sur les images, mais mal analysée. Le cadre méthodologique élaboré dans cette thèse permet de traiter ces cas également. Ainsi, même si elle est ténue, l'amélioration apportée est réelle, pour un recalage très rapide à effectuer (4sec sur un Intel Core i3 2.27GHz).

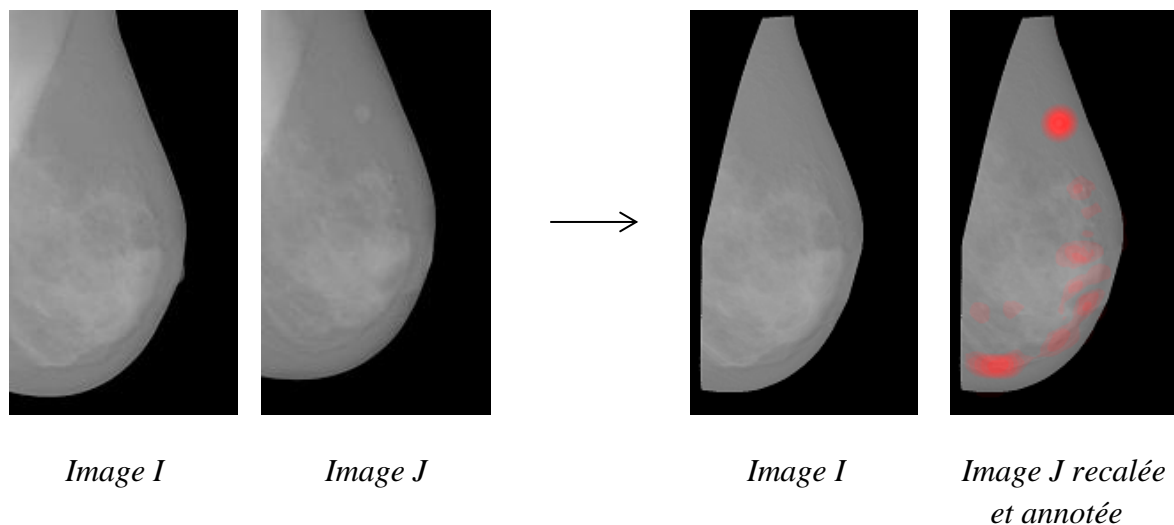


Figure 4.21 – Analyse conjointe, entrée et sortie

Cette étape permet au praticien d'afficher les images recalées, avec les anomalies en surbrillance. Le résultat est estimable en moins d'une minute pour une paire de clichés sur des ordinateurs type Intel i5 ou i7. Il est illustré par la figure 4.22 ci-dessous. Des zones à contrôler sont ciblées pour l'expert, et de plus, l'ensemble des tissus sont alignés, ce qui facilitera le contrôle effectué par le praticien.



## 4.6 Conclusion

La comparaison d'images comme les mammographies, qui ont des textures complexes, ne peut pas être traitée au niveau du pixel, même si les images ont déjà été recalées. Les méthodes doivent inclure des éléments d'une échelle et d'une représentation différente. Dans la méthodologie proposée, deux niveaux d'analyse sont utilisés, le niveau de la comparaison (région  $Z$ ) et la taille des entités permettant de recomposer le signal (les atomes/motifs). Cette structure permet flexibilité et finesse d'analyse.

En outre, la variabilité intra-individu est prise en compte en utilisant un dictionnaire adapté à chaque patiente. Pour construire ce dictionnaire, toutes les connaissances disponibles dans le dossier du patient peuvent être utilisées. Les différences obtenues peuvent être dues à du bruit sur l'un des clichés, à l'apparition de parties malades, ou encore à une rémission, ou un suivi post-opératoire. Seul l'expert médical est habilité à étiqueter une région, à la diagnostiquer.

## Chapitre 5

# Conclusion

5.1 Synthèse des contributions .....	page 139
5.2 Perspectives .....	page 140

Cette thèse apporte des réponses théoriques et applicatives aux problèmes rencontrés dans le cadre de l'analyse conjointe d'images médicales. Le système d'aide au diagnostic proposé est composé d'un recalage et de l'analyse conjointe de clichés. Les problématiques traitées sont donc multiples. Les informations extraites, reliées entre elles, et l'échelle à laquelle le signal est analysé sont centrales dans cette thèse.

Le cadre méthodologique présenté permet une décomposition des problèmes en sous étapes, plus rapides à traiter et permettant un affinement progressif du résultat. Le but fixé est de cibler l'information utile et de la mettre en avant. Dans le cadre du recalage d'images médicales, l'information est structurée autour des primitives anatomiques des mammographies. Pour l'analyse conjointe, l'information est mise en évidence à l'aide de l'étude de motifs constitutifs.

Cette méthodologie, entièrement contextualisable, permet d'effectuer un recalage quasi instantané, et une aide pertinente, sans effectuer le diagnostic pour autant, part du traitement laissé volontairement à l'expert.



*Figure 5.1 – Le CAD complété*

Durant les 4 années de cette thèse, les différentes recherches, discussions et réflexions, ont mené à l'élaboration des différents modèles de pensée présentés dans ce document. Les contributions sont regroupées dans cette conclusion ainsi que les perspectives de recherche ouvertes par une telle vision du CAD en général, et de la comparaison du couple d'images médicales en particulier.

## 5.1 Synthèse des contributions

Les recherches présentées dans cette thèse découlent de l'analyse de certaines méthodes de l'état de l'art. Certains points caractérisent ce travail, ainsi que la philosophie de recherche et d'élaboration méthodologique adoptée.

### Modèles de déformation

Les modèles de déformation présentés sont applicables à différentes problématiques. L'utilisation d'*a priori* fort, sur les composantes des tissus observés, ainsi que sur la transformation inverse à utiliser permet l'application d'un modèle de recalage complexe dans un temps restreint. Le choix de limiter la souplesse des modèles proposés, en structurant très fortement les images à partir des primitives extraites, permet avant tout de ne pas masquer d'évolutions. Une méthode de recalage infaillible, qui aligne si bien les tissus qu'elle masque les évolutions de taille d'une masse n'étant pas le but recherché. Une méthode trop élastique pourrait, par exemple, masquer une distorsion architecturale dans le cadre des mammographies, facteur ô combien important pour la détection de tumeurs malignes. La plupart des travaux de recalage mentionnent le fait que la déformation doit être adaptée à l'analyse qui en découle. Cette thèse traitant de l'ensemble des étapes d'un CAD, a permis l'élaboration d'un modèle visant à une minimisation chiffrée des distances entre tissus, afin d'obtenir une fenêtre de comparaison significative.

Point de jonction entre ce que sont les images et ce qui en est fait, les choix et les limites que l'on se fixe pour les transformations choisies, leurs limites, et les *a priori* sur lesquels elles sont fondées, sont primordiaux pour l'ensemble du CAD.

### Une analyse par décomposition d'éléments se chevauchant

La comparaison de clichés est traitée dans cette thèse à deux échelles, soit une échelle locale à partir de motifs, soit une échelle basée sur des zones plus grandes, mais nécessitant une étape de recalage. Le principal apport de cette approche provient du chevauchement des motifs ou zones. En effet, cette méthode permet d'éliminer toutes discontinuités de l'analyse. Aucun post-traitement n'est nécessaire, cela permet d'obtenir une méthode fournissant un résultat dans un temps raisonnable.

### Un cadre méthodologique contextualisable

Une des forces de l'ensemble de la méthodologie présentée est qu'elle est entièrement contextualisable. Même si le cadre applicatif a un impact dans les lectures et les réflexions qui ont mené à l'élaboration des méthodes proposées, les choix effectués l'ont toujours été dans

l'optique d'une multiplicité des documents traitables, que ce soit dans le cadre du recalage, ou de l'analyse conjointe.

Les méthodes de recalage, proposant des méthodes plus ou moins complexes, ont toutes été pensées dans le but de minimiser les écarts entre tissus quelle que soit la méthode ou le type d'image utilisé. Bien que certaines méthodes soient davantage adaptées à un type d'image donné, les déformations sont suffisamment maîtrisées pour ne pas éloigner ce que l'on souhaite superposer.

L'analyse conjointe quant à elle est adaptable à tout type d'image, pour peu que les paramètres soient évalués pour le type d'évolution recherché.

### Une aide au diagnostic

Le modèle de déformation est élaboré en pensant avant tout au besoin du praticien face à un logiciel CAD : le besoin de détecter une évolution. Un expert doit trouver des évolutions non pas sur une image, mais pour plusieurs dossiers de patients, complexes et fastidieux à observer. La méthodologie élaborée permet de supprimer en moyenne, sur l'ensemble des couples traités, 99% de l'image ne comprenant pas d'anomalie. Au-delà de la précision de la délimitation de l'évolution, ce chiffre montre le gain de temps pour l'expert.

Le but n'est pas ici de caractériser les tissus détectés par un algorithme, mais d'offrir une méthodologie d'aide pour la tâche fastidieuse de comparaison des images. Le terme d'aide au diagnostic est interprété, dans le cadre des travaux effectués dans cette thèse, comme le traitement des données les plus simples à évaluer, dans notre cas, les régions n'ayant pas évolué. Le reste du travail est à effectuer par l'expert qui n'a pas besoin d'être influencé par une réponse automatique.

## 5.2 Perspectives

Les recherches et le travail effectués pendant cette thèse ouvrent de très nombreuses possibilités. Comme dans tous travaux, des choix ont été faits afin d'élaborer une méthodologie la plus complète possible. Ces choix ont ouvert d'autres pistes de recherche qui n'ont pas encore été explorées.

### Base de test

Dans le cadre de notre thèse, les anomalies permettant d'évaluer la méthodologie sont synthétiques. Ce choix a été fait pour faciliter l'évaluation des différentes évolutions possibles, tout en maîtrisant totalement la délimitation des zones à détecter. Évaluer cette méthodologie sur une base utilisée par le monde de la recherche telle que la base MIAS permettrait de positionner l'ensemble de ces travaux par rapport aux autres CAD élaborés à ce jour.

## Modèle de déformation

Les modèles de déformation présentés ont tous un degré de finesse différent. Ils ont été élaborés pour modéliser la déformation inverse subie par un organe entre deux images. Dans le cadre de la mammographie, d'autres modèles que le recalage orienté ou polaire sont envisageables. Un sein ne se déformant pas de façon rectiligne ou radiale, d'autres choix peuvent être faits pour ce qui concerne la structuration interne du sein.

## D'autres distances caractérisant les classes des composantes

La distance permettant de délimiter les classes des composantes des images est primordiale. Comme mentionné dans l'évaluation de la méthode de comparaison d'images, l'impact de l'invariabilité spatiale des entités formant des groupes de tissus est très important. Si un carré sans aucune invariabilité ne permet pas de créer un dictionnaire de classes idéal, le fait de ne tenir aucun compte de l'ordonnancement des pixels est peut être une lacune, bien que sur de si petits ensembles, cela reste à démontrer. Cependant, l'inclusion d'une autre forme de motif, et une invariabilité plus modérée, devrait être évaluée afin de mieux comprendre ce qui caractérise une classe de tissus retranscrite sur une image.

## Comparer deux régions plus pertinentes

La méthode de comparaison proposée offre de bien meilleurs résultats lorsque l'analyse s'effectue localement. La taille de cette zone impacte fortement le résultat, et surtout on peut l'imaginer, la taille des évolutions détectées. Un recalage encore plus fin, permettrait d'utiliser une zone de recherche plus petite et donc plus efficace sur les petits éléments. Dès lors, il sera possible d'imaginer une méthode multi-échelles, permettant d'être plus souple sur la taille des évolutions à détecter. Notons également que l'impact dans la constitution d'une zone pourrait être pondéré par la distance du motif au centre de la zone. En effet plus un motif est proche du centre, plus il est sûr que cette portion de tissu a son jumeau dans la zone de comparaison traitée.

## Type d'image

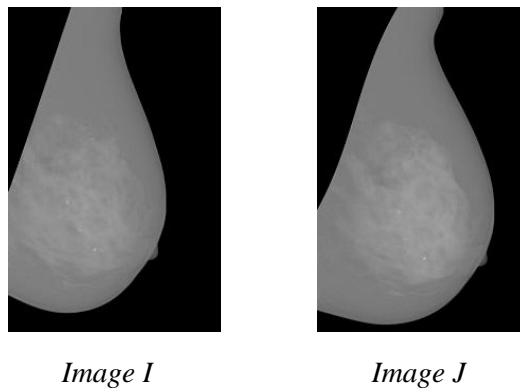
Les images permettant l'évaluation de notre méthodologie sont directement issues du cadre applicatif de cette thèse Cifre qui est la création d'un CAD pour dossier de mammographies. L'utilisation de ce CAD sur des images d'autres organes (cerveau, cœur, foie ...) ouvre une perspective intéressante pour évaluer l'adaptabilité de ce modèle. Cette question est celle du tout générique face au tout spécialisé.



# Annexe 1

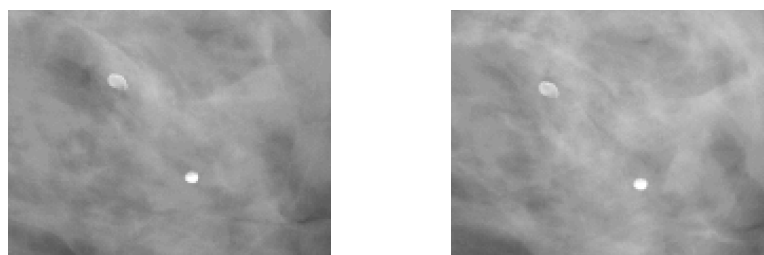
## Evaluation du recalage par repérage expert

Afin d'évaluer l'apport du recalage en terme de distance entre tissus, un expert a annoté plusieurs points sur des séries temporelles de mammographies. La distance entre les tissus devant occuper le même espace sur les deux clichés I et J est ainsi mesurée. Les illustrations de cette annexe sont toutes issues d'un couple de mammographies donné, une série temporelle illustré en figure A1.1.



*Figure A1.1 – Couple de mammographies utilisé dans cette annexe*

Les points choisis sont présents sur l'image référence et sur l'image à recaler comme le montre l'exemple de la figure A1.2. Ce sont des structures telles que des microcalcifications, macrocalcifications, ou des agrafes internes, facilement localisables et identifiables.



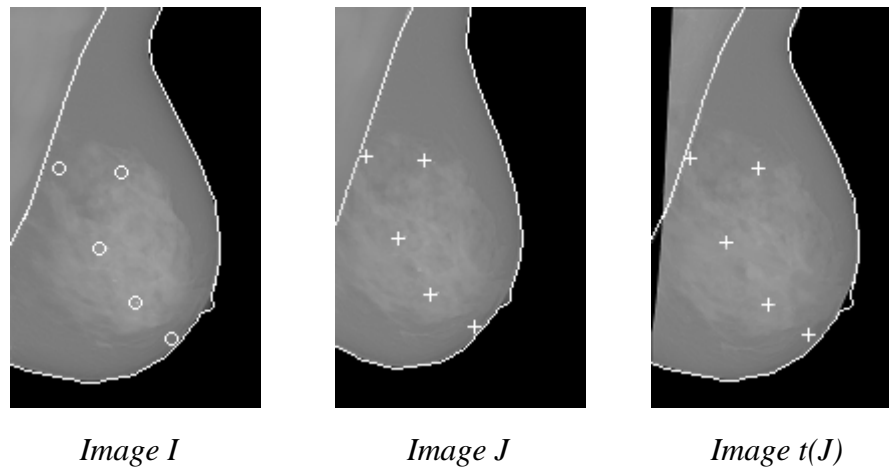
*Agrandissement de l'image I*

*Agrandissement de l'image J*

*Figure A1.2 – Points de repère dans une série temporelle de mammographies*

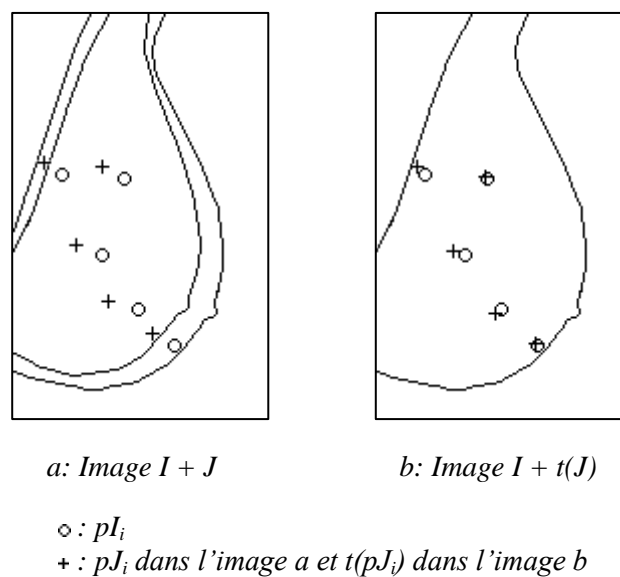


Ces annotations donnent une cartographie éparse de la position de points particuliers du sein. Les points sur l'image I référence sont notés  $pI_i$ , et les points de l'image J,  $pJ_i$ . Après le recalage ces points sont recalés en  $t(pJ_i)$ . Trois cartes de coordonnées sont ainsi obtenues, et retranscrites pour notre exemple en figure A1.3.



*Figure A1.3 – Cartographie des points saillants*

La comparaison des cartes des images I et J, puis des cartes des images I et t(J) permettent de mieux appréhender l'impact de la méthode sur la distance entre points à mettre en correspondance (figure A3).



*Figure A1.4 - Evaluation fondée sur le calcul de la distance entre points annotés par un expert*

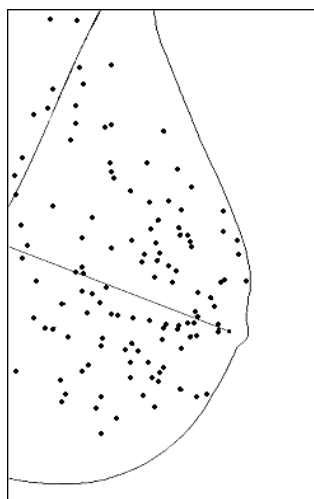
La distance entre ces points est mesurée avant et après le recalage afin de mesurer la précision du recalage (tableau A1.1).

	Distance avant recalage	Distance après recalage
$\text{dist}(pI_1, pJ_1)$	10.8	9.3
$\text{dist}(pI_2, pJ_2)$	14.4	3
$\text{dist}(pI_3, pJ_3)$	16.9	9
$\text{dist}(pI_4, pJ_4)$	11.9	6.3
$\text{dist}(pI_5, pJ_5)$	15.1	4.7
Distance moyenne	13.8	6.4

(en mm)

*Tableau A1.1 – Mesure métrique des effets du recalage*

Cette opération est répétée sur l'ensemble de la base de test pour obtenir les chiffres de l'évaluation du chapitre 3. L'ensemble des points annotés ont été choisis par un expert ne connaissant pas le processus de recalage. Les points ont uniquement été choisis pour la robustesse de leur mise en correspondance et pour leur répartition dans l'image. En effet afin de ne pas biaiser le résultat, les points ne sont pas choisis volontairement dans une zone spécifique, comme le montre la figure A1.5 qui regroupe dans un sein "atlas" l'ensemble des points servant à l'évaluation. Ces points étant des repères intrinsèques à l'image, les points testés peuvent être plus ou moins bien répartis au sein d'une même paire de clichés.



*Figure A1.5 – Répartition des points permettant l'évaluation du recalage dans le sein*



## Annexe 2

### Evaluation de la détectabilité des anomalies synthétiques respectant la loi de Burgess par la méthodologie présentée

Nous avons fait varier la valeur du contraste et la taille d'une région synthétique afin de vérifier que notre approche détecte les bruits qui respectent la loi de Burgess. Les résultats des expériences avec la méthode de comparaison locale sur une image, montrent qu'une anomalie de synthèse reste détectable tant que son amplitude respecte le seuil de Burgess, comme le montre la figure 4.14. Nous considérons qu'une anomalie est détectable lorsque le taux de pixels détectés comme anormaux, qui la composent est supérieur à 50%. Ce seuil permet de vérifier qu'une anomalie sera au minimum, à moitié incluse dans la région détectée comme ayant évolué. Pour que cette approche soit valide, le détecteur d'anomalies doit respecter la loi de Burgess définie en fonction de la vision humaine : le contraste d'une opacité doit croître avec sa taille pour conserver une détectabilité identique.

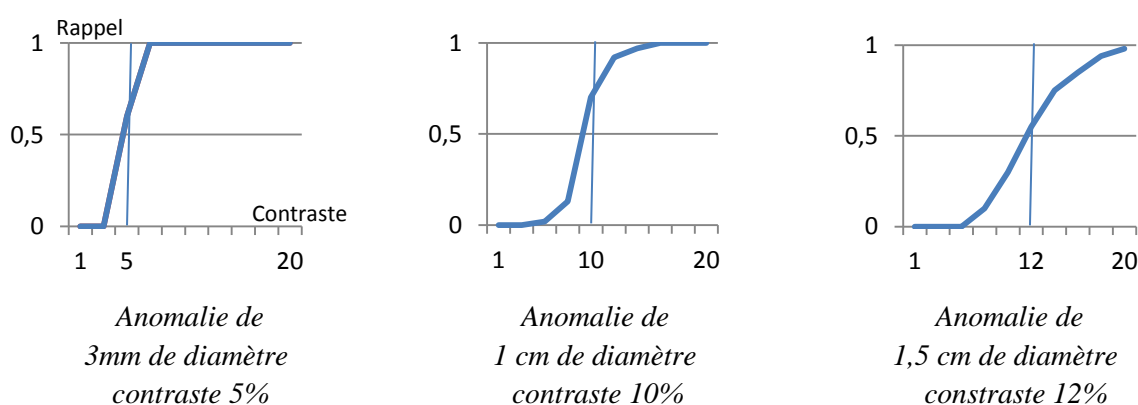


Figure A2.1 – Rappel relativement au contraste d'une anomalie  
(exemple calculé sur une paire de clichés)

Comme on peut le remarquer Figure A2.1, le rapport contraste/diamètre de la taille détectable dans une mammographie, selon la loi du Burgess est vérifié par notre méthodologie.



## Annexe 3

### Détail de l'évaluation des paramètres de l'analyse conjointe

Différentes mesures de l'évaluation des paramètres de l'analyse conjointe des clichés (section "4.4.3 - Les paramètres de l'analyse") sont présentées dans la thèse uniquement sous la forme de graphe de l'évolution du  $P2R$  (équation (4.14)) pour une meilleure lisibilité. Les mesures du rappel, de la précision, de la zone restant à examiner par un expert, ainsi que les mesures chiffrées du  $P2R$  sont retranscrites dans cette annexe.

#### Taille des atomes/motifs

	R	P	$R_s$	P2R
7	0,79	0,51	0,99	0,63
11	0,99	0,67	0,99	0,85
15	0,99	0,72	0,99	0,87
19	0,99	0,75	0,99	0,89
23	0,98	0,77	0,99	0,89
27	0,97	0,77	0,99	0,88

Tableaux A3.1 – Mesures pour l'évaluation de la taille des atomes/motifs

## Distance entre atomes/motifs

	R	P	R <sub>s</sub>	P2R
0.05	0,95	0,68	0,99	0,82
0.04	0,96	0,72	0,99	0,85
0.03	0,99	0,76	0,99	0,89
0.02	0,99	0,76	0,99	0,89
0.01	0,99	0,76	0,99	0,89

Tableaux A3.2 – Mesures pour l'évaluation de la distance séparant les atomes/motifs

## Taille des régions Z

	R	P	R <sub>s</sub>	P2R
21	0,55	0,92	0,99	0,54
31	0,56	0,95	0,99	0,59
41	0,67	0,95	0,99	0,69
51	0,99	0,75	0,99	0,89
61	0,99	0,62	0,99	0,82
71	0,99	0,41	0,99	0,66

Tableaux A3.3 – Mesures pour l'évaluation de la taille de Z

# Publications

Article déjà paru :

A. Boucher, P.E. Jouve, F. Cloppet, N. Vincent, Visual perception driven registration of mammograms, ICPR - 20ème conférence internationale (Istanbul, Turquie), 4 pages, 2010.

This paper aims to develop a methodology to register pairs of temporal mammograms. Control points based on anatomical features are detected in an automated way. Thereby, image semantic is used to extract landmarks based on these control points. A referential is generated from these control points based on this referential the studied images are realigned using different levels of observation leading to both rigid and pseudo non-rigid transforms according to expert mammogram reading.

A. Boucher, F. Cloppet, Segmentation of complex nucleus configurations in biological images, Pattern Recognition Letters 31, pp.755-761, 2010.

This paper presents a new segmentation method of complex nucleus configurations. The specificity of this work is to introduce prior information about the usual shape of cells nuclei, in order to optimize the selection of markers from which the flooding will start, during the watershed-based segmentation.

A. Boucher, P.E. Jouve, F. Cloppet, N. Vincent, Segmentation du muscle pectoral sur une mammographie, ORASIS (Trégastel, France), 4 pages, 2009.

L'objectif de cette étude est la segmentation du muscle pectoral sur une mammographie. Ce travail a pour but de faciliter le recalage géométrique de paires d'images mammographiques par l'extraction fiable de points de repère. La sémantique de l'image est exploitée pour extraire des points de repère basés sur l'anatomie. La technique d'extraction utilisée est basée sur les contours actifs pour lesquels nous proposons de construire différentes énergies

A. Boucher, F. Cloppet, Segmentation of overlapping/aggregating Nuclei Cells in Biological images, ICPR – 19ème conference international - 14%, 308/2200 - (Tempa, Florida, USA, Best student paper), 4 pages, 2008.

This paper presents a method of overlapping/aggregating nuclei cells segmentation. This method is based on the watershed segmentation algorithm, but the specificity of this work is to introduce some prior information about the usual shape of normal/pathological nuclei cells. Such prior information will help to optimize the right set of markers, from which the flooding will be done. This approach has been implemented and tested, and the results evaluated by cell biology experts show the efficiency of the proposed approach.



## A paraître :

A. Boucher, F. Cloppet, N. Vincent, Mammogram CAD, hybrid registration and iconic analysis, IS&T/SPIE Electronic Imaging, Image Processing: Machine Vision Applications, February 2013.

This paper aims to develop a computer aided diagnosis (CAD) comprising two steps: a methodology to register and analyze pairs of temporal mammograms. the concept of “file”, including all the past information on a patient, enables joint analysis of different acquisitions taken at different times, and the detection of significant modifications. The registration is adapted in order to make disappear deformation undergone by the acquisition process without masking breast changes indicative of malignancy. In order to reach this goal, a referent image is computed from control points based on anatomical features that are extracted automatically. Then the second image of the couple is realigned on the referent image, using a coarse-to-fine approach. The joint analysis detects the evolution between two images representing the same scene. In order to achieve this, it is important to know the registration error limits enabling to adapt the observation scale. The approach used in this paper is based on an image sparse representation.

A. Boucher, F. Cloppet, N. Vincent, A pairwise image analysis with sparse decomposition, SPIE Medical Imaging, Computer-Aided Diagnosis, February 2013.

This paper aims to develop methodology to register and analyze pairs of temporal mammograms. The registration must be adapted in order to make disappear deformation undergone by the acquisition process without masking breast changes indicative of malignancy. In order to reach this goal, a referent image is computed from control points based on anatomical features that are extracted automatically. The joint analysis should detect the evolution between two images representing the same scene. The approach used in this article is based on an image sparse representation. Decomposed in constituent patterns, the images are analyzed under a new angle.

# Table des illustrations

## Chapitre 1

Figure 1.1 - Coupe d'un sein, vue anatomique .....	page 17
Figure 1.2 - Exemple de mammographie d'une patiente X .....	page 17
Figure 1.3 - Série temporelle d'une vue médiolatérale oblique du sein gauche d'une patiente à $t_0$ et $t_0 + 1$ an .....	page 17
Figure 1.4 - Exemples d'anomalies tissulaires dans le cadre d'une mammographie .....	page 18
Figure 1.5 - Chaîne générale de la détection d'anomalies .....	page 19
Figure 1.6 - Etapes de la méthodologie élaborée pour l'analyse conjointe d'images médicales .....	page 20

## Chapitre 2

Figure 2.1 - Duck-Rabbit - publié en 1892 dans un journal satirique munichois Fliegende Blätter (auteur inconnu) .....	page 25
Figure 2.2 - Segmentation d'un objet basé sur le calcul de l'histogramme des niveaux de gris .....	page 26
Figure 2.3 - Deux images ayant le même histogramme des niveaux de gris .....	page 27
Figure 2.4 - Exemple de calcul d'une matrice de cooccurrence .....	page 27
Figure 2.5 - Détection de contours .....	page 28
Figure 2.6 - Codage de Freeman, invariant par translation .....	page 29
Figure 2.7 - Représentation d'un signal .....	page 31
Figure 2.8 - Comparaison d'images avant (a) et après recalage (b) .....	page 35
Figure 2.9 - Dénombrement des publications parues chaque année et répondant aux critères de recherche "image and registration and years" en bleu et "medical and image and registration and years" en vert dans IEEE Xplore et ScienceDirect .....	page 37
Figure 2.10 - Procédure de recalage .....	page 38
Figure 2.11 - Exemple de relations fonctionnelles entre les intensités contenues dans deux images .....	page 41
Figure 2.12 - Types de transformations .....	page 42
Figure 2.13 - Exemple de points de repère extrinsèques sur une radiographie du crâne [Tro08] .....	page 45

Figure 2.14 - Exemple de points caractéristiques intrinsèques sur un cliché IRM .	page 46
Figure 2.15 - Exemple de décomposition d'un signal dans une base orthonormée .	page 51
Figure 2.16 - Deux décompositions possibles d'un signal relativement à un dictionnaire redondant .....	page 51
Figure 2.17 - Image en 256 niveaux de gris, où chaque élément de la base de représentation est utilisé .....	page 52
Figure 2.18 - Image construite à partir d'un vocabulaire de 117 éléments dans un dictionnaire de $256^{100}$ possibilités (10 x 10 pixels de 256 niveaux de gris) .....	page 52
Figure 2.19 - Exemple sur un signal créneau .....	page 54
Figure 2.20 - Exemple d'ondelettes .....	page 55
Figure 2.21 - Paramétrisation des ondelettes (chapeau mexicain) .....	page 56
Figure 2.22 - Illustration de la séparation de source de G. Peyré [Pey07] .....	page 57

## Chapitre 3

Figure 3.1 - Approche méthodologique .....	page 65
Figure 3.2 - Translation naïve .....	page 69
Figure 3.3 - Seconde étape du recalage linéaire avec un contour fermé .....	page 70
Figure 3.4 - Seconde étape du recalage linéaire avec un contour ouvert .....	page 71
Figure 3.5 - Etapes du recalage linéaire horizontal .....	page 71
Figure 3.6 - Etapes du recalage orienté .....	page 72
Figure 3.7 - Etapes du recalage polaire .....	page 73
Figure 3.8 - Alignement des tissus mammaires en vue d'une analyse conjointe ..	page 76
Figure 3.9 - Différentes relations intra-patiente .....	page 77
Figure 3.10 - Primitives anatomiques extraites .....	page 78
Figure 3.11 - Contour extrait, l'axe des abscisses est la droite frontière entre le muscle pectoral et le sein .....	page 79
Figure 3.12 - Choix des bornes minimums pour qu'elles aient la même longueur .	page 80
Figure 3.13 - Exemple d'un repère structurant la mammographie à partir des primitives extraites .....	page 81
Figure 3.14 - Modèle physique d'un sein subissant une compression médiolatérale .....	page 82
Figure 3.15 - Recalage par translation naïve .....	page 83
Figure 3.16 - Primitives et leurs zones d'influence .....	page 84
Figure 3.17 - Seconde étape du recalage linéaire horizontal .....	page 85
Figure 3.18 - Référentiel et structuration du contenu des images pour le recalage orienté .....	page 86
Figure 3.19 - Méthode de recalage orienté .....	page 86
Figure 3.20 - Structure du sein pour un recalage polaire .....	page 88
Figure 3.21 - Méthode de recalage polaire .....	page 88
Figure 3.22 - Champs de déformation proposés .....	page 89
Figure 3.23 - Evaluation métrique du recalage d'une image J comparé	

à une image référence I .....	page 91
Figure 3.24 - Trois couples de mammographies (séries temporelles) .....	page 93
Figure 3.25 - Les méthodes de recalage appliquées à l'exemple 1 .....	page 94
Figure 3.26 - Les méthodes de recalage appliquées à l'exemple 2 .....	page 94
Figure 3.27 - Les méthodes de recalage appliquées à l'exemple 3 .....	page 95

## Chapitre 4

Figure 4.1 - Représentation et classification .....	page 102
Figure 4.2 - Apparition de macrocalcifications chez une patiente .....	page 103
Figure 4.3 - Organigramme du cadre méthodologique de l'analyse conjointe d'images médicales .....	page 104
Figure 4.4 - Création du dictionnaire .....	page 107
Figure 4.5 - Elaboration d'un dictionnaire à partir d'un ensemble d'apprentissage .....	page 109
Figure 4.6 - Mammographies concernant trois patientes différentes .....	page 110
Figure 4.7 - Comparaison entre un atome $a_k$ et différents motifs .....	page 113
Figure 4.8 - Atomes proposés .....	page 114
Figure 4.9 - Axes des distances entre motifs .....	page 115
Figure 4.10 - Comparaison globale d'images .....	page 118
Figure 4.11 - Recalage d'une mammographie [Bou10] .....	page 119
Image 4.12 - Analyse d'une région Z dans un couple de mammographies recalées .....	page 120
Figure 4.13 - Exemple d'une série temporelle de clichés .....	page 122
Figure 4.14 - Anomalies synthétiques de détectabilité constante suivant la loi de Burgess .....	page 123
Figure 4.15 - Evaluation du paramètre taille(atomes/motifs) .....	page 126
Figure 4.16 - Evaluation du paramètre $\epsilon$ .....	page 127
Figure 4.17 - Evaluation du paramètre taille(Z) .....	page 128
Figure 4.18 - Rapport entre taille de la zone Z et précision de la cartographie obtenue .....	page 129
Figure 4.19 - Exemple de cartographies obtenue par analyse locale des régions potentiellement anormales sur des mammographies où une anomalie synthétique a été ajoutée .....	page 130
Figure 4.20 - Exemple de dictionnaire élaboré à partir des paramètres évalués pour l'analyse conjointe de mammographies .....	page 133
Figure 4.21 - Analyse conjointe, entrée et sortie .....	page 135

## Chapitre 5

Figure 5.1 - Le CAD complété .....	page 138
------------------------------------	----------



# Bibliographie

- [Aha06] Aharon M, Elad M, Bruckstein A, *K-svd : An algorithm for designing overcomplete dictionaries for sparse representation*, IEEE Transactions on Signal Processing, vol 54(11), pp. 4311–4322, 2006.
- [Aha08] Aharon M, Elad M, *Sparse and redundant modeling of image content using an image-signature-dictionary*, SIAM Journal on Imaging Sciences, vol 1(3), pp. 228-247, 2008.
- [Auz11] Auzias G, Colliot O, Glaunès JA, Perrot M, Mangin JF, Trouvé A, Baillet S, *Diffeomorphic brain registration under exhaustive sulcal constraints*, IEEE Transactions on Medical Imaging, vol 30(6), pp. 1214-1227, 2011.
- [Bas89] Basseville M, *Distance Measures for Signal Processing and Pattern Recognition*, Signal Processing, vol 18(4), pp. 349-369, 1989.
- [Bat07] Baty X, Cavarro-Menard C, Roullier V, Le Jeune JJ, *Model based and iconic multimodal registration to merge gated cardiac PET, CT and MR sequences*, Engineering in Medicine and Biology Society (EMBS), pp. 852-855, 2007.
- [Ber94] Berger J, Coifman RR, Goldberg MJ, *Removing noise from music using local trigonometric bases and wavelet packets*, Audio Engineering Society, vol 42(10), pp. 808–818, 1994.
- [Bes92] Besl PJ, MacKay N, *A method for registration of 3D shapes*, IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, vol 14(2), pp. 239-256, 1992.
- [Bet09] Betrouni N, *Multimodality medical images registration : From conception to validation*, IRBM, vol 30 (2), pp. 60-71, 2009.
- [Bob99] Bobin J, Starck JL, Fadili J, Moudden Y, *Sparsity and morphological diversity in blind source separation*, IEEE Transactions on Image Processing, vol 16(11), pp. 2662–2674, 2007.
- [Bou09] Boucher A, Jouve P, Cloppet F, Vincent N, *Pectoral muscle segmentation on a mammogram*, ORASIS, 2009.
- [Bou10] Boucher A, Vincent N, Cloppet F, Jouve P, *Visual perception driven registration of mammograms*, 20th International Conference on Pattern Recognition, pp. 2374-2377, 2010.
- [Bre01] Breiman L, *Random Forests*, Machine Learning, 45(1), pp. 5–32, 2001.

- [Bro92] Brown LG, *A survey of image registration techniques*, ACM, Computing Surveys, 24(4), pp. 325-376, 1992.
- [Bur01] Burgess AE, Jacobson FL, Judy PF, *Human observer detection experiments with mammograms and power-law noise*, Medical Physics, 28(4), pp.419-437, 2001.
- [Can02] Candès EJ, Donoho DL, *Recovering edges in ill-posed inverse problems : Optimality of curvelet frames*, Annals of Statistics, vol 30, pp 784–842, 2002.
- [Cha07] Morena A, Santhanam AP, Rolland JP, Angelini E, Bloch I, *CT-PET Landmark-base lung registration using a dynamic breathing model*, Image Analysis and Processing, pp. 691-696, 2007.
- [Chu04] Chui H, Rangarajan A, Zhang J, Leonard C, *Unsupervised Learning of an Atlas from Unlabeled Point-Sets*, IEEE Pattern Analysis and Machine Intelligence, vol 26(2), pp. 160-172, 2004.
- [Chu08] Chung JH, Rajagopal V, Nielsen PMF, Nash MP, *A biomechanical model of mammographic compressions*, Biomechanics and Modeling in Mechanobiology, vol 7(1), pp. 43-52, 2008.
- [Col95] Collignon A, Vandermeulen D, Suetens P, Marchal G, *3D multimodality medical image registration*, Computer Vision, Virtual Reality, and Robotics in Medicine, vol. 905, pp. 195–204, 1995.
- [Com12] Commowick O, Wiest-Daessle N, Prima S, *Block-matching strategies for rigid registration of multimodal medical images*, IEEE International Symposium on Biomedical Imaging, vol 59(8), pp. 700-703, 2012.
- [Con80] Connors R, Harlow C, *A theoretical comparaison of texture algorithms*, IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, vol 2(3), pp. 204–222, 1980.
- [Coo68] Cooley JW, Tukey JW, *An algorithm for the machine calculation of complex Fourier series*, Mathematics of Computation, vol. 19, pp. 297- 301. 1965.
- [Cru03] Crum WR, Griffin LD, Hill DL, Hawkes DJ, *Zen and the art of medical image registration : correspondence, homology, and quality*, NeuroImage, vol 20(3), pp. 1425-37, 2003.
- [Csu04] Csurka G, Dance C, Fan L, Willamowski J, Bray C, *Visual categorization with bags of keypoints*, Processing workshop on statistical learning in computer vision, ECCV, pp. 1-22, 2004.
- [Dab08] Dabov K, Foi A, Egiazarian K, *Image restoration by sparse 3D transform-domain*

*collaborative filtering*, Processing SPIE Electronic Imaging, no. 6812-07, 2008.

[Del98] Delingette H, *Towards realistic soft tissue modeling in medical simulation*, Proceedings of the IEEE, vol 86(3), pp. 512-523, 1998.

[Dob09] Dobigeon N, Hero AO, Tournet JY, *Hierarchical Bayesian sparse image reconstruction with application to MRFM*, IEEE Transactions Image Processing, vol 18(9), pp. 2059–2070, 2009.

[Dre10] Drémeau A, *Décomposition parcimonieuse : Approches Bayésiennes et application à la compression d'image*, Thèse, Université de Rennes 1, 182 pages, 2010.

[Eva94] Evans AC, Collins DL, Neelin P, MacDonald D, Kamber M, Marrett TS, *Three-Dimensional Correlative Imaging: Applications in Human Brain Mapping*, Functional Neuroimaging, pp. 145–162, 1994.

[Fer00] Ferrari R, Rangayyan R, Desautels J, & al., *Segmentation of mammograms : Identification of the skin-air boundary, pectoral muscle and fibro-glandular disc*, Proceedings of the International Workshop on Digital Mammography, pp. 573-579, 2000.

[Gab46] Gabor D, *Theory of communications*, Journal International Electrical Engineers, vol 93(26), pp.429–441, 1946.

[Gos05] Goshtasby A, *2D and 3D Image Registration for Medical, Remote Sensing, and Industrial Applications*, Wiley-Interscience, 280 pages, 2005.

[Gla06] Glatard T, Pennec X, Montagnat J, *Performance evaluation of grid-enabled registration algorithms using bronze-standards*, Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, pp. 152–160, 2006.

[Gra11] Gramfort A, Strohmeier D, Haueisen J, Hämäläinen M, Kowalski M, *Apport des dictionnaires temps-fréquence, de la parcimonie et des structures pour l'imagerie cérébrale fonctionnelle M/EEG*, Actes du 23<sup>e</sup> colloques GRETSI, 2011.

[Gre11] Green R, Graham J, Devlin H, *Multi-scale rigid registration to detect damage in micro-CT images of progressively loaded bones*, IEEE Biomedical Imaging: From Nano to Macro, pp. 1231-1234, 2011.

[Gro89] Grossmann A, Kronland-Martinet R, Morlet J, Combes et al.(eds.) *Wavelets: Time-Frequency Methods and Phase Space*, Springer-Verlag, 315 pages, 1989.

[Gui01] Guimond A, Roche A, Ayache N, Meunier J, *Three-dimensional multimodal brain warping using the demons algorithm and adaptive intensity corrections*, IEEE Transactions in Medical Imaging, vol 20(1), pp. 58–69, 2001.



- [Har73] Haralick RM, Shanmugam K, Dinstein I, *Textural features for image classification*, IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics, vol 3, pp. 610–621, 1973.
- [Har79] Haralick RM, *Statistical and structural approaches to texture*, Proceedings of the IEEE, 67(5), pp. 786–804, 1979.
- [Hei99] Heigl B, Paulus D, Niemann H, *Tracking points in sequences of color images*, Proceedings of Open German–Russian Workshop on Pattern Recognition and Image Understanding, Lecture Notes in Computer Science, Springer, 1999.
- [Hon07] Honeiné P, Richard C, Bermudez JC, *Online nonlinear sparse approximation of functions*, IEEE International Symposium on Information Theory, pp. 956–960, 2007.
- [Hou62] Hough PV, Paul C, *Method & means for Recognizing Complex Patterns*, US. Patent 3069654, pp. 47–64, 1962.
- [Jan02] Janin P, Fitzpatrick JM, Hawkes DJ, Pennec X, Shahidi R, Vannier MW, *Validation of medical image processing in image-guided therapy white paper*, Proceedings of International Conference on Computer Assisted Radiology, pp. 299–305, 2002.
- [Ji08] Ji S, Xue Y, Carin L, *Bayesian compressive sensing*, IEEE Transactions Signal Processing, vol. 56(6), pp. 2346–2356, 2008.
- [Kag07] Kage A, Elter M, Wittenberg T, *An evaluation and comparison of the performance of state of the art approaches for the detection of speculated masses in mammograms*, Engineering in Medicine and Biology Society, pp. 3773–3776, 2007.
- [Kim05] Kim K, Intrator N, *Mosaicing of acoustic camera images*, IEEE Proceedings, Radar, Sonar and Navigation, vol 152(4), pp 263–270, 2005.
- [Lau91] Lau TK, Bischof WF, *Automated detection of breast tumors using the asymmetry approach*, Computers and Biomedical Research, vol 24(3), pp. 273–295, 1991.
- [Laz85] Tabar L, Dean PB, *Teaching Atlas of Mammography*, 2<sup>nd</sup> revised edition, Frommhold W, Thurn P, 222 pages, 1985.
- [Let09] Le Troter A, Amalric A, Noell JP, Serra B, *Recalage d'un système multi-vues pour la texturation automatique de modèles 3D simplifiés, en milieu urbain*, Codage et Représentation des Signaux Audiovisuels, 2009.
- [Lor02] Lorenzo-Valdés M, Sanchez-Ortiz G, Mohiaddin R, Rueckert D, *Atlas-Based Segmentation and Tracking of 3D Cardiac MR Images Using Non-rigid Registration*, Proceedings of International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted

Intervention-Part I, pp. 642–650, 2002.

[Low04] Lowe DG, *Distinctive image features from scale invariant keypoints*, International Journal of Computer Vision, vol 60(2), pp. 91-110, 2004.

[Mae97] Maes F, Collignon A, Vandermeulen D, Marchal G, Suetens P, *Multimodality image registration by maximization of mutual information*, IEEE Transactions on Medical Imaging, vol 16(2), pp. 187–98, 1997.

[Mah02] Mahdi H, Farag A, *Image registration in multispectral data sets*, Proceedings of International Conference on Image Processing, vol 2, pp.369-372, 2002.

[Mai98] J.B.A. Maintz JBA, Viergever MA, *A survey of medical image registration*, Medical Image Analysis, vol 2(1), pp. 1-36, 1998.

[Mai03] Maitre H, *Le traitement des images*, Hermes Science Publications, 364 pages, 2003.

[Mai12] Maier-Hein L, Franz AM, Dos Santos TR, Schmidt M, Fangerau M, Meinzer, H, Fitzpatrick JM, *Convergent Iterative Closest-Point Algorithm to Accomodate Anisotropic and Inhomogenous Localization Error*, IEEE Pattern Analysis and Machine Intelligence, vol 34(8), pp. 1520-1532, 2012.

[Mal93] Mallat S, Zhang Z, *Matching pursuits with time-frequency dictionaries*, IEEE Trans, On Signal Processing, vol 41(12), pp. 3397–3415, 1993.

[Mal06] Malandain G, *Les mesures de similarité pour le recalage des images médicales*, Habilitation à Diriger des Recherches, Université de Nice-Sophia Antipolis Sophia Antipolis, France, 2006.

[Mar00] Marias K, Behrenbruch CP, Brady JM, Parbhoo S, Seifalian A, *Multi-scale landmark selection for improved registration of temporal mammograms*, Proceedings of the International Workshop on Digital Mammography, pp. 580-586, 2000.

[Mat02] Mattera D, Palmieri F, Di Monte M, *A comparison of signal compression methods by sparse solution of linear systems*, In WIRN VIETRI, pp. 146–151, 2002.

[Mik05] Mikolajczyk K, Tuytelaars T, Schmid C, Zisserman A, Matas J, Schaffalitzky F, Kadir T, Van Gool L, *A Comparison of Affine Region Detectors*, International Journal of Computer Vision, vol. 65(1-2), pp. 43–72, 2005.

[Mod04] Modersitzki J, *A Practical Guide to Splines – Revised Edition*, Oxford University Press, 2004.

[Mor08] Moreno A, Chambon S, Santhanam AP, Rolland JP, Angelini E, Bloch I, *Combining a*

*breathing model and tumor-specific rigidity constraints for registration of CT-PET thoracic data*, Computer Aided Surgery, vol 13(5), pp. 281-298, 2008.

[Nat95] Natarajan BK, *Sparse approximate solutions to linear systems*, SIAM Journal on Imaging Sciences, pp. 227 – 234, 1995.

[Nob05] Noblet V, Heinrich C, Heitz F, Armspach JP, *3D Deformable Image Registration : A Topology Preservation Scheme Based on Hierarchical Deformation Models and Interval Analysis Optimization*, IEEE Transactions on Image Processing, vol 14(5), pp. 553–566, 2005.

[Pag00] Pagoulatos N, Haynor DR, Kim Y, *Image-based registration of ultrasound and magnetic resonance images : a preliminary study*, SPIE Medical Imaging, vol. 3976, pp. 156–164, 2000.

[Pat93] Pati YC, Rezaiifar R, Krishnaprasad PS, *Orthogonal matching pursuit : Recursive function approximation with applications to wavelet decomposition*, In Proceedings Asilomar Conference on Signals, Systems, and Computers, pp. 40–44, 1993.

[Pen02] Pennec X, *Estimation of the registration accuracy in the absence of gold standard*, Proceedings of Computer Assisted Radiology and Surgery, 2002.

[Pey07] Peyré G, Fadili J, Starck JL, *Apprentissage de dictionnaires parcimonieux adaptés pour la séparation d'images*, Grets, 2007.

[Ram12] Raman V, Then P, Sumari P, *Comparative analysis on evaluation results of Case Base Reasoning Classification and ANN classification on mammogram mass detection*, International Conference on Computing Technology and Information Management, pp. 527-531, 2012.

[Rat08] Rath G, Guillemot C, *A complementary matching pursuit algorithm for sparse approximation*, Proceeding of the European Signal Processing Conference, 2008.

[Rat09] Rath G, Guillemot C, *Sparse approximation with an orthogonal complementary matching pursuit algorithm*, In Proc, IEEE Int'l Conference on Acoustics, Speech, and Signal Processing (ICASSP), pp. 3325–3328, 2009.

[Reb02] Rebollo-Neira L, Lowe D, *Optimized orthogonal matching pursuit Approach*, IEEE Signal Processing Letters, vol 9(4), pp. 137–140, 2002.

[Rey99] Rey D, Subsol G, Delingette H, Ayache N, *Automatic Detection and Segmentation of Evolving Processes in 3D Medical Images : Application to Multiple Sclerosis*, Proceedings of the International Conference on Information Processing in Medical Imaging, pp. 154–157, 1999.

[Ric00a] Richard F, Graffigne C, *An image-matching model for the registration of temporal or bilateral mammogram pairs*, Proceedings of the International Workshop on Digital

Mammography, 2000.

[Ric00b] Richard F, *Modèles élastiques d'ajustement d'images et applications aux paires bilatérales et temporelles de mammographie*, Thèse de Doctorat en Science de la Vie et de la Matière, Spécialité Mathématiques, Université Paris Descartes, France, 2000.

[Ric03] Richard F, Cohen L, *A new image registration technique with free boundary constraints, application to mammography*, Computer Vision and Image Understanding, Special Issue on Nonrigid Registration, vol 89(2), pp. 166-196, 2003.

[Riv12] Rivest-Henault D, Sundar H, Cheriet M, *Non-rigid 2D/3D registration of coronary artery models with live fluoroscopy for guidance of cardiac interventions*, IEEE Transactions on Medical Imaging, vol 31(7), pp. 1557-1572, 2012.

[Roc98] Roche A, Malandain G, Pennec X, Ayache N, *The Correlation Ratio as a new similarity measure for multimodal image registration*, Proceedings of Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, pp. 1115–24, 1998.

[Sal96] Sallam M, Bowyer, *Detection abnormal densities in mammograms by comparaison to previous screenings*, Proceedings of International Workshop on Digital Mammography, pp. 417-420, 1996.

[Sal97] Sallam M, *Image unwrapping and difference analysis : A technique for detecting abnormalities in mammograms*, PhD Dissertation, University of South Florida, Department of Computer Science and Engineering, 1997.

[Son10] Songyuan T, Yongtian W, *MR-guided liver cancer surgery by nonrigid registration*, Medical Image Analysis and Clinical Applications, pp. 113-117, 2010.

[Sor06] Sorzano COS, Thévenaz P & al, *Elastic Image Registration with Applications to Proteomics*, Information Optics : 5th International Workshop, American Institute of Physics, pp. 300-309, 2006.

[Str95] Stricker MA, Orengo M, *Similarity of Color Images, Storage and Retrieval for Image and Video Databases*, SPIE, pp. 381-392, 1995.

[Sur06] Suri JS, Rangavyyan RM, *Recent Advances in Breast Imaging, Mammography, and CAD of Breast Cancer*, SPIE Press Book, 2006.

[Swa91] Swain MJ, Ballard DH, *Color indexing*, International Journal Computer Vision, vol 7(1), pp. 11-32, 1991.

[Tem08] Temlyakov VN, *Greedy approximation*, Acta Numerica, vol 17, 418 pages, 2008.

- [Thi11] Thielemans K, Gopalakrishnan G, Roy A, Srikrishnan V, Thiruvankadam S, Wollenweber SD, Manjeshwar RM, *Robust motion correction for respiratory gated PET/CT using weighted averaging*, IEEE Nuclear Science Symposium and Medical Imaging Conference, pp. 2964-2967, 2011.
- [Tib94] Tibshirani R, *Regression shrinkage and selection via the Lasso*, Journal of the Royal Statistical Society, Series B, vol 58, pp. 267–288, 1994.
- [Tro08] Troccaz J, *Capteurs et recalage per-opératoires en robotique médicale*, Rapport technique, Equipe GMCAO – Laboratoire TIMC-IMAG - Faculté de Médecine, 32 pages, 2008.
- [Tru98] Truchetet F, *Ondelettes pour le signal numérique*, Hermès, 1998.
- [Vio95] Viola P, Wells WMIII, *Alignment by maximization of mutual information*, International Conference on Computer Vision, pp. 16–23, 1995.
- [Vuj97] Vujovic N, Brzakovic, *Control points in pairs of mammographic images*, IEEE Transactions on Image Processing, vol 6(10), pp. 1388-1399, 1997.
- [Wan05] Wang XY, Feng DV, *Hybrid registration for two-dimensional gel protein images*, Proceedings of the Third Asia-Pacific bioinformatics conference, pp. 201-210, 2005.
- [Wan08] Wang F, Vemuri BC, Rangarajan A, Eisenschenk SJ, *Simultaneous Nonrigid Registration of Multiple Point Sets and Atlas Construction*, IEEE Pattern Analysis and Machine Intelligence, vol 30(11), pp. 2011-2022, 2008.
- [Wel96] Wells WM, Viola P, Atsumi H, Nakajima S, Kikinis R, *Multi-modal volume registration by maximization of mutual information*, Medical Image Analysis, vol 1(1), pp. 35–51, 1996.
- [Wes97] West J, Fitzpatrick J, Wang M, Dawant B, Maurer C, Kessler R & al, *Comparison and evaluation of retrospective intermodality image registration techniques*, Journal of Computer Assisted Tomography, vol 21(4), pp. 554–66, 1997.
- [Wir99] Wirth MA, *A non rigid approach to medical image registration : Matching image of the breast*, Ph. D thesis, RMIT University Melbourne, 1999.
- [Woo92] Woods RP, Cherry SR, Mazziota JC, *Rapid Automated Algorithm for Aligning and Reslicing PET Images*, Journal of Computer Assisted Tomography, vol 16(4), pp. 620-633, 1992.
- [Xia11] Xiaoqi L, Hongli M, Baohua Z, Yongjie Z, *A review of algorithm research progress for non-rigid medical image registration*, International Conference on Consumer Electronics, Communications and Networks, pp. 3863-3866, 2011.

- 
- [Yuj05] Yujun G, Suri J, Sivaramakrishna R, *Image Registration for Breast Imaging: A Review*, 27th Engineering in Medicine and Biology Society, pp. 3379-3392, 2005.
- [Zit03] Zitova B, Flusser J, *Image registration methods : A survey*, Image and Vision Computing, vol 21(11), pp. 977–1000, 2003.

# Résumé

Dans le monde de la recherche, l'analyse du signal et plus particulièrement d'image, est un domaine très actif, de par la variété des applications existantes, avec des problématiques telles que la compression de données, la vidéo-surveillance ou encore l'analyse d'images médicales pour ne prendre que quelques exemples. Le mémoire s'inscrit dans ce dernier domaine particulièrement actif.

Le nombre d'appareils d'acquisition existant ainsi que le nombre de clichés réalisés, entraînent la production d'une masse importante d'informations à traiter par les praticiens. Ces derniers peuvent aujourd'hui être assistés par l'outil informatique.

Dans cette thèse, l'objectif est l'élaboration d'un système d'aide au diagnostic, fondé sur l'analyse conjointe, et donc la comparaison d'images médicales. Notre approche permet de détecter des évolutions, ou des tissus aberrants dans un ensemble donné, plutôt que de tenter de caractériser, avec un très fort *a priori*, le type de tissu cherché.

Cette problématique permet d'appréhender un aspect de l'analyse du dossier médical d'un patient effectuée par les experts qui est l'étude d'un dossier à travers le suivi des évolutions. Cette tâche n'est pas aisée à automatiser. L'œil humain effectue quasi-automatiquement des traitements qu'il faut reproduire.

Avant de comparer des régions présentes sur deux images, il faut déterminer où se situent ces zones dans les clichés. Toute comparaison automatisée de signaux nécessite une phase de recalage, un alignement des composantes présentes sur les clichés afin qu'elles occupent la même position sur les deux images. Cette opération ne permet pas, dans le cadre d'images médicales, d'obtenir un alignement parfait des tissus en tous points, elle ne peut que minimiser les écarts entre tissus. La projection d'une réalité 3D sur une image 2D entraîne des différences liées à l'orientation de la prise de vue, et ne permet pas d'analyser une paire de clichés par une simple différence entre images. Différentes structurations des clichés ainsi que différents champs de déformation sont ici élaborés afin de recalcr les images de manière efficace.

Après avoir minimisé les différences entre les positions sur les clichés, l'analyse de l'évolution des tissus n'est pas menée au niveau des pixels, mais à celui des tissus eux-mêmes, comme le ferait un praticien. Afin de traiter les clichés en suivant cette logique, les images numériques sont réinterprétées, non plus en pixels de différentes luminosités, mais en motifs représentatifs de l'ensemble de l'image, permettant une nouvelle décomposition des clichés, une décomposition parcimonieuse. L'atout d'une telle représentation est qu'elle permet de mettre en lumière un autre aspect du signal, et d'analyser sous un angle nouveau, les informations nécessaires à l'aide au diagnostic.

Cette thèse a été effectuée au sein du laboratoire LIPADE de l'Université Paris Descartes (équipe SIP, spécialisée en analyse d'images) en collaboration avec la Société Fenics (concepteur de stations d'aide au diagnostic pour l'analyse de mammographies) dans le cadre d'un contrat Cifre.